

**UNIVERSIDAD COMPLUTENSE DE MADRID**

**FACULTAD DE VETERINARIA**

**Departamento de Sanidad Animal**



**TESIS DOCTORAL**

**Modelo epidemiológico de difusión de la influenza  
aviar altamente patógena (IAAP)**

MEMORIA PARA OPTAR AL GRADO DE DOCTOR

PRESENTADA POR

**Irene Iglesias Martín**

Directores:

**Ana de la Torre Reoyo  
José Manuel Sánchez-Vizcaíno**

**Madrid, 2011**

**ISBN: 978-84-694-7634-5**

**© Irene Iglesias Martín, 2011**

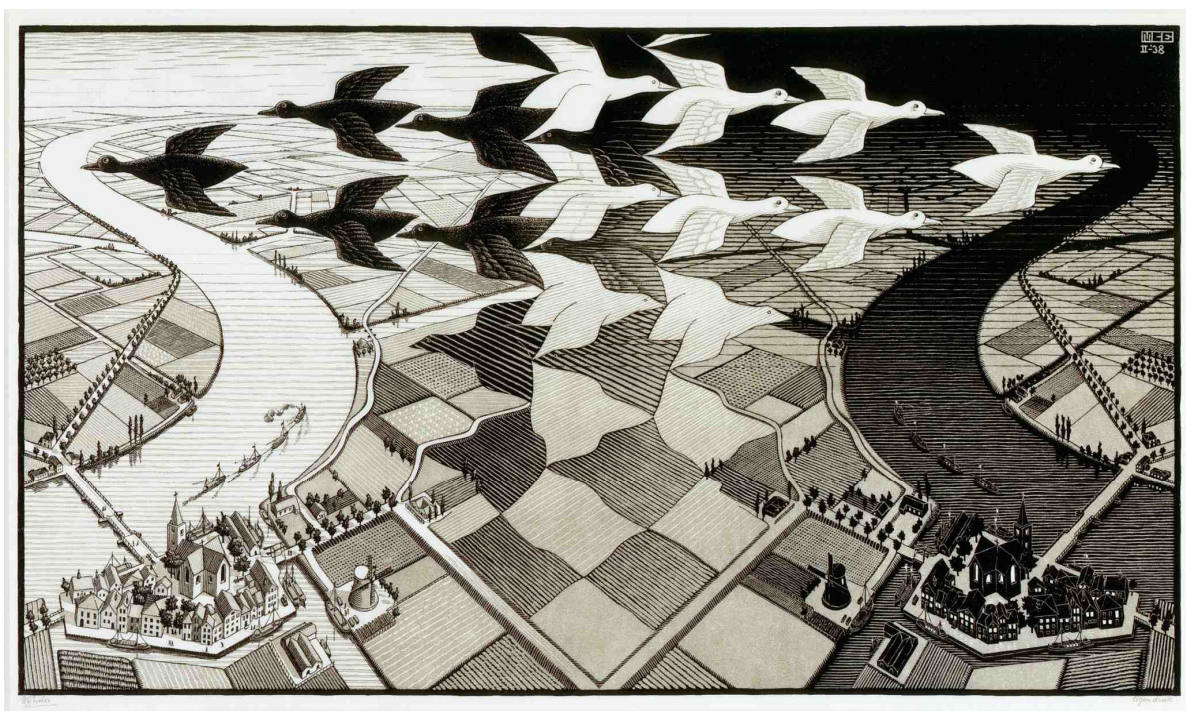


**Universidad Complutense de Madrid**

**Facultad de Veterinaria**

**Departamento de Sanidad Animal**

# **Modelo epidemiológico de difusión de la Influencia Aviar Altamente Patógena (IAAP)**



**Irene Iglesias Martín 2011**



Ilustración de la portada "Day and night" Escher Maurits Cornelis 1938.

[http://www.bocamuseum.org/clientuploads/EXHIBITION\\_IMAGES/EscherDayandNightLR.jpg](http://www.bocamuseum.org/clientuploads/EXHIBITION_IMAGES/EscherDayandNightLR.jpg)



**Universidad Complutense de Madrid**

**Facultad de Veterinaria**

**Departamento de Sanidad Animal**

# **Modelo epidemiológico de difusión de la Influenza Aviar Altamente Patógena**

Memoria para optar al grado de doctor presentada por

**Irene Iglesias Martín**

Bajo la dirección de los doctores:

**Ana de la Torre Reoyo**

**José Manuel Sánchez-Vizcaíno**

Madrid 2011





El Dr José Manuel Sánchez-Vizcaíno Rodríguez, Doctor en Veterinaria y Catedrático de  
Sanidad Animal de la Universidad Complutense de Madrid y

la Dra. Ana de la Torre Reoyo, Doctora en Biología e investigadora del Centro de  
Investigación en Sanidad Animal CISA INIA

CERTIFICAN:

Que la tesis doctoral titulada "Modelo epidemiológico de difusión de la influenza aviar  
altamente patógena" ha sido realizada por Dña. Irene Iglesias Martín bajo nuestra dirección,  
y estimamos que reúne los requisitos necesarios para optar al título de Doctor por la  
Universidad Complutense de Madrid.

Madrid, lunes 28 de Febrero de 2011

Fdo. Prof. Dr. JM. Sánchez-Vizcaíno

Fdo. Dra. Ana de la Torre Reoyo





*A mi abuela*



## **Agradecimientos**

La elaboración de esta tesis no hubiera sido posible sin la colaboración de tanta, tantísima gente, que miedo me da empezar este apartado porque me voy a dejar a alguien en el fintero casi seguro.

En primer lugar quiero agradecer a mis dos directores de tesis, el Dr. José Manuel Sánchez-Vizcaíno y a la Dra. Ana de la Torre, el haber confiado en mí al dirigirme este trabajo. Gracias a ellos se ha realizado la presente investigación, han sido unos jefes increíbles, y he podido aprender y disfrutar de su experiencia, inteligencia y destreza en el mundo de la investigación. Me han enseñado desde cero cada uno de los pasos que he dado, coordinándose en la dirección, y aportándome soluciones en cada una de sus correcciones. Me considero una afortunada por haberlos tenido a ambos dirigiéndome la investigación, y por haber recibido su atención, oportunidades, cariño, cuidados y enseñanzas, realmente no puedo describir ni agradecer suficiente con palabras todo lo que han hecho por mí.

El desarrollo de esta tesis ha sido posible gracias a la beca asociada al proyecto de investigación del Plan Sectorial RTA2006-00167-C02-01 del INIA, al proyecto FAU2008-00001-C02-01 y al Convenio de Colaboración MARM-INIA 2006-2008 CC08-020.

Quiero agradecer a la Dra Olga Minguez y a sus colaboradores de la Dirección General de Producción Agropecuaria de Castilla y León, por su ayuda en el acceso e interpretación de la base de datos de avicultura de la región utilizada en este trabajo, especialmente a Paloma, Palma Maceda, Luis Miguel y Miguel F. Salazar. También quiero agradecer a José Ángel Arranz, Director General del Medio Natural de la Consejería de Medio Ambiente de Castilla-León, y a Jose Balmori de la Sección de Gestión de Especies Protegidas y Servicio de Espacios Naturales, la amabilidad y la información cedida de los humedales de Castilla y León, así como a sus colaboradores en cada una de las provincias, especialmente a José Luis Higuera Gutiérrez, Elena Hernández Rodríguez, Mariano Fernandes y Jesús Palacios Alberti. A CIDA (Centro de información y datos ambientales de la misma Consejería) y a la Confederación Hidrográfica del Duero, por su aportación en los datos de los humedales.

Al Epicentre de la Universidad de Massey (Nueva Zelanda) en concreto al Dr. Mark Stevenson por su colaboración desinteresada ofreciéndonos el programa Interspread Plus utilizado para una parte de la elaboración de esta tesis.

A la Agencia Estatal de Meteorología (Aemet) por la base de datos meteorológica cedida.

Al Dr. Salvador Peris y a la Sociedad Española de Ornitología por los datos e interpretación ornitológica brindada a este trabajo.



Al Dr. Ricardo Aleson por su amabilidad y sus conocimientos en avicultura cedidos desinteresadamente para la elaboración de este trabajo.

Al Dr. Mateo del Pozo por su inestimable ayuda para la obtención de opiniones de expertos en datos avícolas de Castilla y León a nivel con la información avícola de CyL, y las opiniones de veterinarios.

Al CISA-INIA por permitirme la elaboración de la tesis, y especialmente a Marisa Arias, cuya alegría y vitalidad laboral son contagiosas.

A María Jesús por su experiencia y por los consejos, ánimos y oportunidades que me ha brindado en todo momento y a Matilde Carballo que consigue transmitir un ambiente de confortable estabilidad en el que cualquier meta que te propones es posible.

A Andrés Pérez, por toda la epidemiología y estadística que me ha enseñado con esa motivación, paciencia e ilusión infinitas, que me han permitido desarrollar una parte más técnica de la tesis, y también por sus enseñanzas de cómo hacer un buen mate y de cómo afrontar "a la argentina" la vida

A Fernando Esperón, porque gracias a él llegué aquí y porque desde al principio hasta el final ha sido un pilar fundamental e imprescindible en todo momento.

A Marta, uno de los descubrimientos principales de mi tesis, quizá debería ponerla en resultados. Sin ella la tesis habría resultado imposible, y la elaboración no habría tenido el sonido de las carcajadas de fondo. Ha sido una gran profesora que me ha enseñado mucho de epidemiología y estadística, y también de otros países, de la vida, de la paciencia...de todo.... menos de música.

A Elenita, mi otro gran descubrimiento de la tesis...y a la que le agradezco aquí (porque sé que solo te vas a leer esta parte!) su ayuda y alegría constantes, el estar pendiente de mí continuamente y el haberme aguantado tantísimo! Menos mal que Asier no esperó a que yo entregara para nacer!

Al grupo de Epidemiología y Sanidad Ambiental: Nina, Jaime, Belén, Miguel, Vero y María, por su ayuda, simpatía apoyo y por el excelente ambiente de trabajo que se respira con ellos. También al pacientísimo informático Angel, a los "adjuntos" Juan Palomas, Carlos y Raul y a las que se fueron Sonia y Raquel. Al resto del CISA, especialmente a Leni, Maria Yuste, Ana Aguilar, Jana, Eva y Hani. A Toni y al resto de seguridad que durante 5 años me han recibido y despedido con una sonrisa impagable, a la gente de administración, a Caty. Trini y el resto del chicas y a Mónica y Mº Jesús por aguantarnos y darnos esas deliciosas comidas caseras.

Al grupo SUAT de la UCM, Debo, Belenri, Rocío, Almudena, Marina, Lina, Victor, Facundo, Fernando, Ana, Mar y Chelo por su simpatía y porque me han hecho sentirme como en casa cada vez que he estado con ellos, y en especial a Bea, que me ha ayudado tantísimo con la metodología del IS+, a Anita mi ex-vecina taurina y a Raquelilla.

A Nicola Ferré por darme la oportunidad de hacer una estancia en el Instituto Zooprofilattico del Veneto y de estar con el increíble grupo Grupo del GIS (Monica, Paolo, Il Gobbo y Mateo 1 y 2) que me dieron sus enseñanzas y su cariño y la oportunidad de conocer a Stephano Marangon, Ilaria Capua y C.Terregino, y gente encantadora e interesantísima como E.Richi, Dalla Pozza, Manelli, Busani, Maria Aznar, Pietro, A.Cristalli, Mateo di Parma, Chiara, Manuela, Alejandra, Roberto, Catherine Turner, Katia, Giorgia, Fabricio, Il Fabio Pez, y muchos más que me dejó por el camino.

Gracias a las oportunidades que siempre me han ofrecido durante la tesis, he podido conocer a gente maravillosa que me ha ayudado mucho, cada uno en su momento y en su campo, Dani Oro, Isabel Afan, F. Moutou, Belenro, Octavio, A. Onrubia, Oscar Frías, Ibon, Chechu y Eva Banda.

Y gracias a mis amigas (Carol y Lore) y amigos (Orejon, Klaus, Jander, Jacobo, Rojas) de la facultad, a ellas por ser tan buenas amigas y estar siempre animándome en los días infinitos de trabajo, y a ellos por no estar nunca, facilitándome ampliamente la labor. A las niñas del piso (Anita, María y Sandra) por cuidarme tanto y ser tan increíblemente majas y cariñosas conmigo. A Paraceli por su simpatía. A la Tana y a Iván, que son mi cordón umbilical con C.Real. Y al Moro y Marta, Juli, Alfredo y Marti, Lucas, Mino y su humor, Leti y Marwan, Bego e Isaac, Palopo e Ines, Cabra y Almu, Antonio y María, Cámara y Ana, y a los que me estoy dejando, por su alegría y ánimo.

Gracias a mi familia que es maravillosa, a mis abuelos paternos por su cariño infinito y a mi Dra. Abuela, que es un Google con piernas, que me ha ayudado tanto con sus impagables consejos de la vida, de la ciencia y de todo en general brindándome su moderna e infinita experiencia. A mis padres y hermana por su cariño y cultura, los tres me hacen sentir que siempre tendré su apoyo si me vengo abajo.

Gracias a toda la familia de Pablo que me ha dado siempre mucho ánimo y cariño. Y por supuesto, a Pablo, por ser tan maravilloso conmigo, por aguantarme a todas horas y por que con él, realmente, todos los días son sábado.



## ÍNDICE

ÍNDICE.....	9
INDICE DE FIGURAS Y TABLAS:.....	13
ABREVIATURAS: .....	20
<b>1. RESUMEN.....</b>	<b>21</b>
1.1. RESUMEN .....	21
1.2. SUMMARY .....	25
<b>2. INTRODUCCIÓN .....</b>	<b>27</b>
2.1. LA AVICULTURA EN ESPAÑA .....	29
2.1. A. Importancia económica del sector a nivel europeo y mundial .....	29
2.1. B. Estructura y distribución del sector avícola en España .....	30
2.1. C. Estructura y distribución del sector avícola en Castilla-y León (CyL).....	37
2.2. DESCRIPCIÓN DE LA ENFERMEDAD ORIENTADA A LA EPIDEMIOLOGÍA DE LA MISMA:.....	43
2.2. A. Etiología.....	43
2.2. B. Transmisión: .....	48
2.2. C. Supervivencia del virus fuera del hospedador.....	52
2.2. D. Patogenicidad y sintomatología: Diferencias entre especies.....	57
2.2. E. Diagnóstico .....	66
2.3. ANTECEDENTES DE LA IAAP Y PLANES DE CONTROL .....	70
2.3. A. Evolución histórico-temporal de los virus IAAP .....	70
2.3. B. Planes de vigilancia y control de Influenza aviar en España.....	78
2.3. C. Planes de vigilancia y control de Influenza aviar en Castilla-León.....	83
2.4. FACTORES DE RIESGO QUE INTERVIENEN EN LA DIFUSIÓN DEL VIRUS.....	84
2.4. A. Bioseguridad:.....	84
2.4. B. Censo o tamaño de la explotación:.....	85
2.4. C. Densidad o cercanía entre explotaciones:.....	86
2.4. D. Especies o tipo de explotación.....	87
2.4. E. Movimientos.....	87
2.4. F. Cercanía a humedales de riesgo.....	88
2.4. G. Supervivencia del virus en el medio en función de la temperatura .....	90
2.4. H. Altitud: .....	90
2.5. ANÁLISIS EPIDEMIOLÓGICO ESPACIAL Y USO DE MODELOS DE RIESGO EN ENFERMEDADES INFECCIOSAS ANIMALES .....	91
2.5. A. Epidemiología espacial de las enfermedades infecciosas. ....	91
2.5. B. Modelos de enfermedades infecciosas animales: .....	92
2.5. C. Epidemiología espacial en estudios epidemiológicos sanitarios veterinarios: Aplicaciones en Influenza aviar. ....	94
2.5. D. Modelización del riesgo de influenza aviar en España.....	96
3.1. JUSTIFICACIÓN.....	99
<b>3. JUSTIFICACIÓN Y OBJETIVOS.....</b>	<b>99</b>
3.2. OBJETIVOS .....	100
<b>4. MATERIAL Y MÉTODOS .....</b>	<b>101</b>
4.1. MATERIAL .....	101



4.1.A. Datos de las explotaciones y movimientos avícolas de CyL .....	101
4.1.B. Datos de los humedales de CyL .....	101
4.1.C. Programas informáticos utilizados en los análisis .....	102
4.2. MÉTODOS.....	104
4.2.A. MODELO CONCEPTUAL: INTRODUCCIÓN A LA METODOLOGÍA DEL MODELO DE DIFUSIÓN DE IAAP EN CyL. ....	105
4.2.B. EXPLORACIÓN DE LOS DATOS DEL ESTUDIO .....	108
4.2.B.1. Estadística descriptiva espacial y análisis de la densidad y censo de las explotaciones avícolas de CyL.....	108
4.2.B.2. Descripción y análisis de los patrones de movimientos de aves vivas en CyL .....	111
4.2.C. MODELO I. ZONIFICACIÓN DEL RIESGO DE .....	112
DIFUSIÓN DE LA IAAP EN EXPLOTACIONES.....	112
DE GALLINAS INDUSTRIALES .....	112
4.2.C.1. Análisis de los factores de riesgo: .....	112
4.2.C.2. Unificación de capas, zonificación del riesgo y evaluación del resultado .....	117
4.2.C.3. Evaluación espacial de los resultados .....	117
4.2.C.4. Análisis de sensibilidad.....	118
4.2.D. MODELO II: MODELO DINÁMICO DEL RIESGO DE DIFUSIÓN DE IAAP EN EXPLOTACIONES DE GALLINAS INDUSTRIALES. ....	119
4.2.D.1. Soporte informático para la realización del modelo:.....	119
4.2.D.2. Análisis de la dinámica de la difusión de la IAAP y de sus consecuencias en granjas industriales en CyL .....	122
4.2.D.3. Evaluación espacial de los resultados: .....	124
4.2.D.4. Análisis de sensibilidad del modelo .....	124
4.2.E. COMPARACIÓN DE LOS 2 MODELOS DE RIESGO ELABORADOS EN GALLINAS INDUSTRIALES .....	125
4.2.F. MODELO III. ZONIFICACIÓN DEL RIESGO DE .....	126
DIFUSIÓN EN EXPLOTACIONES DE ACGA.....	126
4.2.F.1. Análisis de cuantificación de los factores de riesgo de difusión.....	127
4.2.F.2. Zonificación: Unificación de capas y zonificación del riesgo. ....	139
4.2.F.3. Análisis espacio temporal de los resultados de.....	141
zonificación del riesgo.....	141
4.2.F.4. Análisis de sensibilidad del modelo .....	141
5.1. RESULTADOS DE LA EXPLORACIÓN DE LOS DATOS DE ESTUDIO. ....	- 143 -
<b>5. RESULTADOS .....</b>	<b>- 143 -</b>

5.1. A Resultados de la estadística descriptiva espacial de la distribución, densidad y censo de las explotaciones avícolas de CyL. ....	- 143 -
5.1.B. Resultados de la descripción y análisis de los patrones de movimientos de aves vivas en CyL.....	149
5.2. RESULTADOS DEL MODELO I. ZONIFICACIÓN DEL RIESGO DE DIFUSIÓN DE LA IAAP EN EXPLOTACIONES DE GALLINAS INDUSTRIALES .....	154
5.2.A. Resultado del análisis de los factores de riesgo: .....	154
5.2.B. Resultados de la unificación de capas, zonificación del riesgo y evaluación del resultado .....	160
5.2.C. Evaluación espacial de los resultados del modelo I .....	162
5.2.D. Análisis de sensibilidad del modelo I de zonificación del riesgo de difusión en gallinas industriales.....	164
5.3. RESULTADOS DEL MODELO II. MODELO DINÁMICO.....	165
DEL RIESGO DE DIFUSIÓN DE LA IAAP EN .....	165
EXPLOTACIONES DE GALLINAS INDUSTRIALES .....	165

5.3. A. Resultados generales del modelo II de difusión estocástico de la IAAP en granjas industriales en CyL.....	165
5.3.B. Resultados del modelo II diferenciando las áreas en función de la zonificación de riesgo del modelo I. ....	168
5.3.C. Evaluación espacial de los resultados del modelo II.....	170
5.3.D. Análisis de sensibilidad del modelo II.....	171
5.4. RESULTADOS DE LA COMPARACIÓN DE LOS MODELOS I Y II ELABORADOS EN GALLINAS INDUSTRIALES .....	172
5.5. RESULTADOS DEL MODELO III DE ZONIFICACIÓN DE LA DIFUSIÓN DE LA IAAP EN EXPLOTACIONES DE ACGA.....	174
5.5.A. Análisis de cuantificación de los factores de riesgo:.....	174
5.5.B. Resultados de la Unificación de capas y zonificación del riesgo.....	187
5.5.C. Análisis espaciotemporal de los resultados de zonificación del riesgo.....	189
5.5.D. Análisis de sensibilidad del modelo III.....	191
<b>6. DISCUSIÓN .....</b>	<b>- 192 -</b>
6.1. DISCUSIÓN DEL MODELO I: ZONIFICACIÓN DEL RIESGO EN GALLINAS INDUSTRIALES .....	- 194 -
6.1.A. Discusión de los factores de riesgo del Modelo I.....	- 194 -
6.1.B. Discusión del resultado general de la zonificación del Modelo I: .....	- 198 -
6.1.C. Discusión sobre la metodología empleada en el modelo I.....	- 199 -
6.1.D. Aplicabilidad del modelo I .....	- 200 -
6.2. DISCUSIÓN DEL MODELO II: SIMULACIÓN DE UNA EPIDEMIA DE IAAP .....	- 201 -
6.2.A. Discusión de los parámetros incluidos en el Modelo II.....	- 201 -
6.2.B. Discusión de la dinámica y consecuencias de una epidemia evaluadas en el Modelo II: .....	205 -
6.2.C. Discusión de la metodología empleada en el Modelo II: Interspread Plus .....	- 207 -
6.2.D. Aplicabilidad del Modelo II: Interspread Plus.....	- 209 -
6.3. DISCUSIÓN SOBRE LA COMPARACIÓN DEL MODELO I Y II .....	- 210 -
6.4. DISCUSIÓN DEL MODELO III: ZONIFICACIÓN DEL RIESGO DE DIFUSIÓN EN ACGA.....	- 212 -
6.4.A. Discusión de los factores de riesgo del Modelo III: .....	- 212 -
6.4.B. Resultado general de la zonificación del Modelo III:.....	- 215 -
6.4.C. Discusión de la metodología empleada en el modelo III.....	- 216 -
6.4.D. Aplicabilidad del modelo III.....	- 217 -
6.5. DISCUSIÓN SOBRE LA APLICABILIDAD DE LOS MODELOS .....	- 220 -
<b>. CONCLUSIONES .....</b>	<b>- 227 -</b>
<b>8. BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>- 229 -</b>
<b>9. ANEXOS .....</b>	<b>I</b>
ANEXO I: ENCUESTA DE BIOSEGURIDAD EN BROILERS .....	I
1. MEDIDAS GENERALES DE BIOSEGURIDAD .....	II
ANEXO II: PUBLICACIONES Y CONGRESOS RELACIONADOS CON LA TESIS .....	IV
Publicaciones relacionadas con la tesis .....	IV
Publicaciones técnicas relacionadas con la tesis .....	XIII
Comunicaciones a congresos .....	XIV
ANEXO III: PARÁMETROS DEL MODELO III INTRODUCIDOS EN EL PROGRAMA INTERSPREAD +. ....	XXI

ANEXO IV: RESULTADOS DEL MODELO I .....	XXII
<i>Densidad de explotaciones</i> .....	XXII
<i>Censo de explotaciones</i> .....	XXIII
ANEXO V: GRÁFICAS COMPARATIVAS DE LOS ESCENARIOS ELABORADOS EN EL ANÁLISIS DE SENSIBILIDAD DEL MODELO II .....	XXIV
ANEXO VI: LENGUAJE DE R UTILIZADO.....	XXVI
ANEXO VII: RESULTADOS DE LOS FACTORES DE RIESGO DENSIDAD Y CENSO DEL MODELO III ..	XXVIII
<i>Densidad de explotaciones</i> .....	XXVIII
<i>Censo de explotaciones</i> .....	XXVIII
ANEXO VIII: RESULTADOS DEL MODELO III DEL FATOR DE RIESGO “SUPERVIVENCIA DEL VIRUS” .....	XXIX
ANEXO IX: RESULTADOS FINALES DEL MODELO III.....	XXXI
<i>Resultados del riesgo de difusión de la IAAP en ACGA por zonas</i> .....	XXXI
<i>Resultados del Modelo III por provincia y mes</i> .....	XXXIII

## INDICE DE FIGURAS Y TABLAS:

Figura 1. Producción de huevos de incubación y consumo en la UE-27 en 2009 (Miles de toneladas) Elaboración propia a partir de los datos de la S.G.Productos Ganaderos. (MARM, 2010a).....	29
Figura 2. Producción de carne de pollo en la UE-27 (Miles de toneladas. Año 2009). Elaboración propia a partir de datos de la S.G.Productos Ganaderos. (MARM, 2010b) .....	30
Figura 3. Explotaciones de gallinas ponedoras por clasificación zootécnica en España. Elaboración propia a partir de datos del 2010 de la S.G.Productos Ganaderos. (MARM, 2010a) .....	32
Figura 4. Censo de gallinas ponedoras en España (miles de aves) en 2009. Elaboración propia a partir de datos de la S.G.Productos Ganaderos. (MARM, 2010a).....	32
Figura 5. Censo de gallinas ponedoras por formas de cría en España (Nº de aves). Elaboración propia a partir de datos del REGA a 21/05/2009 (MARM, 2010a).....	33
Figura 6. Nº de explotaciones por especies avícolas en España. Elaboración propia a partir de los datos del REGA actualizados a 01/05/10 (MARM, 2010b). .....	34
Figura 7. Número de explotaciones de pollos para carne según su clasificación zootécnica en España en Mayo del 2010. Elaboración propia a partir de los datos de la S.G.Productos Ganaderos (MARM, 2010b).....	34
Figura 8. Número de explotaciones de especies avícolas de carne por CA. Elaboración propia a partir de los datos de la S.G.Productos Ganaderos. (MARM, 2010b). .....	35
Figura 9. Evolución de las gallinas ponedoras en la CA de CyL desde 1975 hasta 2007. ....	37
Figura 10. Distribución de la producción total de huevos de gallina por CCAA en España (Miles de docenas. Año 2008). Elaboración propia a partir de los datos de la S.G.Productos Ganaderos (MARM, 2010a). ....	39
Figura 11. Censo provincial de avicultura de puesta en CyL (Cabezas y %). Elaboración propia a partir de datos de la JCCyL y REGA 2008. ....	40
Figura 12. Distribución de la producción total de carne de aves por CCAA en España (Toneladas. Año 2008). Elaboración propia a partir de datos de la S.G.Productos Ganaderos (MARM, 2010b).....	41
Figura 13. Censo provincial de avicultura de carne (Cabezas y %). Elaboración propia a partir de los datos de la JCCyL y REGA 2008.....	41
Figura 14. Censo provincial de avicultura complementaria de carne en Castilla y León .....	42
Figura 15. Esquema del virus de la influenza seccionado para poder apreciar sus diferentes componentes. Adaptado de <a href="http://www.newscientist.com/data/images/archive/2533/25331501.jpg">http://www.newscientist.com/data/images/archive/2533/25331501.jpg</a> . ....	45
Figura 16. Esquema de cambio antigénico entre 2 subtipos diferentes. Elaboración propia adaptada del esquema disponible en <a href="http://library.thinkquest.org/05aug/01479/virus4.html">http://library.thinkquest.org/05aug/01479/virus4.html</a> .....	47
Figura 17. Esquema de las vías de transmisión directas (en azul) e indirectas (en naranja) más comunes del virus IAAP. Elaboración propia. ....	48
Figura 18. Persistencia de VIA en agua en un estudio realizado en 12 serotipos diferentes, en un rango de temperaturas entre 4-37°C. Adaptado de Brown et al., 2009.....	53
Figura 19. Persistencia de VIA en agua a 17°C y a un pH= 7.2. La gráfica de la izquierda corresponde a un virus H5N2 ajustado a una función Gaussiana ( $f = 34.61 \exp. (-0.5((x - 14.65)/12.49)^2)$ ( $R^2 = 0.79$ )) y la gráfica de la derecha corresponde a un virus H7N6 ajustado a una función lineal logarítmica ( $f = -1.48x + 69.16$ ( $R^2 = 0.80$ )). Adaptado de Brown et al., 2009. ....	53
Figura 20. Lesiones en aves domésticas tras la infección experimental de IAAP. Cuadro adaptado de la revisión de Pantin-Jackwood y Swayne (2009). a) Edema de barbilla, cresta y tejido periorbital; b) Edema subcutáneo y en patas; c) Edema y hemorragia de barbillas y cresta; d) Ganso de 2 semanas con tortícolis, e) Diarrea con ténido biliar.....	59
Figura 21. Imagen de un Ánade azulón o real (Anas platyrhynchos).....	64



Figura 22. Imágenes de un gorrión común ( <i>Passer domesticus</i> ), a la izquierda, y de un estornino negro ( <i>Sturnus unicolor</i> ), a la derecha, especies sinantrópicas habituales en los alrededores de las explotaciones avícolas en España. (Imágenes de Mullarney et al, 2007) .....	65
Figura 23. Esquema del protocolo de actuaciones en el diagnóstico de la IA. Elaboración propia mediante la adaptación del esquema del Manual frente a la influenza aviar (MARM, 2007). .....	69
Figura 24. Esquema de la emergencia de la cepa A/Goose/Guangdong H5N1 desde el reservorio natural, y su interacción entre las cepas de baja y alta patogenicidad con las aves domésticas (Adaptado de Guan et al., 2009). .....	72
Figura 25. Crecimiento de la producción de carne aviar en el Sureste de Asia desde 1993 hasta 2003. Fuente Faostat 2004. ....	73
Figura 26. Origen de los brotes y de su posible evolución a lo largo del tiempo hasta el 15/11/07. Elaboración propia a partir de la adaptación y actualización del estudio realizado por DEFRA (DEFRA, 2006).....	74
Figura 27. Zonas de estratificación geográfica del muestreo de aves silvestres en vigilancia activa. ....	80
Figura 28. Esquema de factores de riesgo para la difusión de enfermedades aviarias. Elaboración propia.....	84
Figura 29. Diagrama de las diferentes vías de difusión entre las aves silvestres y las domésticas. Las aves acuáticas migratorias pueden introducir el virus IAAP a las zonas con humedales, y de ahí, esas mismas aves migratorias o bien las residentes, pueden transmitir el virus a otros humedales. Al compartir hábitat de humedad y tierras de cultivo con especies puente podría difundirse el virus a las granjas de aves de corral. Adaptado de Veen et al., 2007.....	88
Figura 30. Municipios considerados de riesgo según la Orden APA/571/2006 por la que se establecen medidas específicas de protección en relación con la IA. ....	89
Figura 31. Estudio semicuantitativo del riesgo de introducción en España a través de aves silvestres (Martínez et al., 2009).....	98
Figura 32. Probabilidad media de entrada de Influenza aviar por importación de ponedoras .....	98
Figura 33. Probabilidad media de entrada de Influenza.....	98
Figura 34. Esquema de la metodología utilizada en el desarrollo del modelo de difusión de la IAAP. Elaboración propia.....	106
Figura 35. Diagrama de flujo de los distintos estados de transición de la enfermedad. Adaptado del manual de aplicación de IS+ (Disponible en <a href="http://www.interspreadplus.com/">http://www.interspreadplus.com/</a> ). ....	119
Figura 36. Imagen de la interfaz del programa Interspread+. Se aprecian en las carpetas .....	121
Figura 37. Esquema de trabajo en el modelo III de Zonificación del riesgo en explotaciones de ACGA. ....	127
Figura 38. Izquierda Ejemplo de humedal Ramsar (Nº 237. En Saschen Anh, Alemania) asociado a más de un brote (Brotes en verde). Derecha: Ejemplo de la consideración de un humedal Ramsar positivo (humedal nº 360, Moselle, Francia). Elaboración propia.....	131
Figura 39. Raster de la zona forestal de CyL (Correspondiente a los valores 21-32 de Corine Land cover) con la localización de los humedales de estudio. Elaboración propia. ....	134
Figura 40. Localización de la granja afectada y ubicación del embalse (recuadro azul) con la demarcación de la zona ZEPA. Elaboración propia a partir de una Ortofoto de SIGPAC.....	137
Figura 41. Imagen de satélite (Google Earth©) del Embalse de Almoguera en la que se señalan los 6 puntos de muestreo del agua.....	137
Figura 42. Localización de las estaciones meteorológicas utilizadas en el análisis.....	138
Figura 43. Estudio espacial de todas las explotaciones avícolas de CyL. Elaboración propia .....	143
Figura 44. Imágenes del estudio de la desviación estándar de la distribución espacial de las explotaciones (rojo) y de la distribución espacial de las explotaciones ponderada por los censos (azul) en las diferentes especies avícolas. Las explotaciones se representan mediante puntos blancos (autoconsumo) y negros (no autoconsumo). Elaboración propia con ArcGis 9.2. ....	144
Figura 45. Gallinas de autoconsumo .....	146

Figura 46. Imágenes del estudio de desviación estándar tipo 1 (SDV1) para las explotaciones de gallinas de no autoconsumo. En rojo se muestran la SDV1 de las explotaciones por su localización espacial, y en azul por su capacidad de censo por explotación. Elaboración propia.....	147 -
Figura 47. Densidad de las explotaciones avícolas.....	148
Figura 48. Densidad de los censos avícolas en CyL en .....	148
Figura 49. Densidad de los censos de ACGA en CyL en .....	149
Figura 50. Densidad de los censos de gallinas industriales en CyL en 2008. Elaboración propia.....	149
Figura 51. Numero de movimientos mensuales a lo largo del 2008-2009. Elaboración propia con los datos del IRMA. ....	150
Figura 52. Movimientos de aves vivas entre explotaciones. Elaboración propia con los datos del IRMA (2008-2009) mediante el programa Arc View 3.2. ....	150
Figura 53. Movimientos de aves vivas a matadero. Elaboración propia con .....	151
Figura 54. Representación de las superficies reales de las 14 agrupaciones significativas de movimientos identificadas mediante el análisis de permutación espaciotemporal de Kulldorf. Se han marcado los municipios comprendidos en las agrupaciones, así como las ubicaciones de los mataderos (Puntos rojos). Elaboración propia. ....	152
Figura 55. Representación de las superficies reales de las 18 agrupaciones significativas de movimientos de salida identificadas mediante el análisis de permutación espaciotemporal de Kulldorf. Se han marcado los municipios comprendidos en las agrupaciones. Elaboración propia. ....	153
Figura 56. Densidad Kernel de las explotaciones de gallinas industriales. Los municipios de mayor densidad aparecen marcados en rojo. Elaboración propia a partir de datos REGA 2008.....	154
Figura 57. Diagrama de caja de la densidad de las explotaciones de gallinas industriales en CyL de alta en 2008.....	155
Figura 58. Distribución de la variable “Densidad”. Elaboración propia. Mediante el programa informático @Risk©.....	155
Figura 59. Densidad Kernel de las explotaciones de gallinas industriales separadas por tipo productivo. ....	155
Figura 60. Izquierda: Diagrama de caja de los censos por explotación en gallinas industriales. Derecha: Mapa de los censos por explotación acordes con la clasificación de riesgo de Busani et al., (2009). En rojo en ambas figuras las explotaciones con valores extremos superiores a 100.000 cabezas. Elaboración propia a partir de datos REGA 2008.....	156
Figura 61. Distribución de la variable “Censo”. Elaboración propia mediante el programa informático @Risk ©. ....	157
Figura 62. Distribución de la variable “Bioseguridad”. Elaboración propia mediante el programa informático @Risk. ....	157
Figura 63. Distribución de la variable “Movimientos” .....	158
Figura 64. Representación mediante proporcionalidad de.....	159
Figura 65. Representación mediante proporcionalidad de.....	159
Figura 66. Representación tridimensional del promedio del riesgo del Modelo I por tipo de explotación, provincia y cuartiles de riesgo en los que se ha conformado la zonificación del riesgo (Muy alto, Alto, Medio y Bajo). Elaboración propia. ....	160
Figura 67. Zonificación del riesgo de difusión de la IAAP en gallinas industriales. El resultado de	161
Figura 68. Mapa de de “focos calientes” de riesgo de difusión de IAAP en gallinas.....	163
Figura 69. Grafico tornado resultante del análisis de sensibilidad del modelo mediante la repetición del mismo en 1.000 iteraciones. Elaboración propia. ....	164
Figura 70. Distribución del tamaño medio de la epidemia .....	165
Figura 71. Diagrama de cajas comparado de la distribución de los resultados del número máximo de granjas infectadas en función del tipo productivo de la granja de origen. Los círculos representan los valores extremos y los rectángulos rojos los valores muy extremos. Elaboración propia mediante programa informático SPSS©.....	166

Figura 72. Curva de tendencia de la relacion entre animales sacrificados y coste económico de diferentes epidemias de IAAP en aves domésticas entre 1999-2008. Elaboración propia.....	167
Figura 73. Mapa de de “focos calientes” de riesgo en el modelo II. Elaboración propia.....	170
Figura 74. Diagramas de caja comparados de la variable “granjas infectadas” para observar su variación en los 8 escenarios elaborados en el análisis de sensibilidad con respecto al Modelo II (escenario cero). Elaboración propia. ....	171
Figura 75. Zonificación del riesgo de difusión de la IAAP en gallinas Industriales obtenido en el Modelo I.....	172
Figura 76. Distribución del tamaño medio de la epidemia considerado como valor de riesgo de difusión en el Modelo II. ....	172
Figura 77. Matriz de correllaciones comparativa del modelo I y II.Elaboración propia con SPSS©. ....	173
Figura 78. Densidad Kernel de las explotaciones de ACGA en CyL en estado de alta en 2008. ....	175
Figura 79.Diagrama de caja de la densidad de las explotaciones de ACGA en CyL en 2008.....	175
Figura 80. Valor por explotación de la densidad kernel .....	175
Figura 81. Porcentajes de explotaciones en función de su rango de.....	176
Figura 82. Porcentaje de explotaciones por rango de susceptibilidad y por provincia .....	177
Figura 83.Distribución de la variable “Susceptibilidad” .....	177
Figura 84. Lozalización de los 24 humedales Ramsar “positivos” (verde) y “negativos” en azul utilizados .....	178
Figura 85. Interpolación mediante la técnica IDW del valor de riesgo obtenido en cada .....	181
Figura 86. Mapa de las explotaciones de ACGA con el valor asociado a su cercanía a humedales de riesgo. Se han representado los valores utilizando la misma escala cromática representativa de la división en 7 cuantiles de los valores de riesgo de los humedales. Elaboración propia. ....	181
Figura 87. Representación mediante Scatter plott de las diferentes explotaciones en función de su valor de riesgo, utilizando la misma escala cromática representativa de la división en 7 cuantiles de los valores de riesgo de los humedales utilizadas en las Figuras 85 y 86. Elaboración propia. ....	182
Figura 88. Distribución de la variable “Cercania a humedales”. Elaboración propia mediante el programa informático @Risk. ....	182
Figura 89. Mapa de usos de la tierra de España, con la ampliación del municipio de Almoguera (Cuadrante azul) y un detalle mayor de la zona del embalse y del propio embalse (recuadro y círculo rojo respectivamente) para poder apreciar el uso de la tierra en los alrededores del mismo. Elaboración propia.....	183
Figura 90. Ajuste de una curva logarítmica negativa a lo días de supervivenciaa del virus H5N1 AP a diferentes Tª del medio. Elaboración propia. ....	185
Figura 91. Resultados del análisis de supervivencia (en días) del virus en el mes de Enero .....	186
Figura 92. Riesgo total de diffusion de la IAAP en explotaciones de ACGA del mes de .....	187
Figura 93. Representación del promedio anual del riesgo de difusión de la IAAP en explotaciones de ACGA, clasificando el riesgo en 5 cuantiles, con una simbología cromática y de tamaño gradual .....	188
Figura 94. Representación de las superficies reales de las 6 agrupaciones significativas de riesgo redifusión de la IAAP en explotaciones de ACGA identificadas mediante el análisis normal espaciotemporal de Kulldorf. Elaboración propia .....	189
Figura 95. Grafico tornado resultante del análisis de sensibilidad del modelo III mediante la repetición del mismo en 1.000 iteraciones. Elaboración propia.....	191
Figura 96. Comparación de la evolución anual de los precios de la carne de pollo en el mercado español en 2007, 2008 y 2009. Elaborado por la subdirección General de Ganaderia (MARM, 2010b) .....	- 195 -
Figura 97. Comparación de la evolución anual de los precios de la avicultura de puesta en el mercado español en 2007, 2008 y 2009. Subdirección General de Ganaderia (MARM, 2010a)..	- 195 -

Figura 98. Movimientos avícolas desde CyL al resto de España durante el año 2008-2009. Elaboración propia a partir de datos IRMA con Arc View3.2. ....	196 -
Figura 99. Movimientos avícolas a CyL desde el resto de España durante el año 2008. Elaboración propia a partir de datos IRMA con Arc View3.2. ....	196 -
Figura 100. Resultado de la zonificación del riesgo de difusión de la IAAP en CyL en gallinas industriales. En azul se marcan las Unidades Veterinarias consideradas de Alta Densidad Ganadera por la JCCyL. Elaboración propia.....	199 -
Figura 101. Detalle del estudio del análisis de sensibilidad del Modelo II, en el que se muestra el incremento en un 20% de los radios de las zonas de vigilancia y protección (modificación del escenario \$). Elaboración propia. ....	204 -
Figura 102. Detalle de una de las pantallas generales del modelo Interspread Plus, en la que se observa en la ventana izquierda las diferentes carpetas donde se introducen los parámetros que regulan cada uno de los submodelos que incluye la simulación.....	210 -
Figura 103. Modelo de identificación de los humedales de riesgo interpolado a toda la superficie de CyL y comparado con las zonas de municipios de riesgo de la Orden AP/571/2006 (En rojo). Elaboración propia. ....	216 -
Figura 104. Número de explotaciones en función de la especie avícola y su evolución en los últimos cuatro años. Elaboración propia a partir de datos del REGA (MARM, 2010c).....	218 -
Figura 105. Localización de los dos brotes de IAAP más recientes fuera del periodo de estudio del modelo de humedales. Elaboración propia.....	219 -
Figura 106. Detalle de la aplicación 3D de los resultados obtenidos del riesgo.....	224 -
Figura 107. Detalle de la visualización de una de las simulaciones de una epidemia de IAAP en CyL en gallinas industriales elaboradas mediante el programa IS+. Se muestra una epidemia en el día 9. Los puntos muestran las granjas infectadas (en rojo), detectadas (en azul) y sacrificadas (en verde). ....	225 -
Figura 108. Resultados del análisis de supervivencia (en días) del virus de manera mensual en función de las temperaturas medias mensuales. Elaboración propia aplicando IDW mediante el programa Arc Gis 9.3.....	XXX
Figura 109. Mapas de zonificación del riesgo de difusión de IAAP entre explotaciones de ACGA en CyL. Elaboración propia mediante el programa Arc Gis 9.3. ....	XXXIII
Tabla 1. Porcentaje de explotaciones y censo avícola en España en función del sistema de explotación. Elaboración propia a partir de los datos avícolas del REGA del 2008. ....	31
Tabla 2. Número de granjas y censo en CyL clasificado por especie y tipo zootécnico de consumo. Elaboración propia a partir de datos de la JCCyL y REGA 2008.....	38
Tabla 3. Número de granjas y censo por especies y tipo de zootécnico de autoconsumo o no en CyL. Elaboración propia a partir de datos de la JCCyL y REGA 2008.....	39
Tabla 4. Nº de explotaciones y censo de broilers en CyL en función del tamaño de la explotación. Elaboración propia a partir de datos de la JCCyL y REGA 2008.....	42
Tabla 5. Revisión de estudios de excreción respiratoria y fecal del virus en aves domésticas y silvestres comparando los tiempos de excreción y los signos clínicos. Elaboración propia a partir de datos bibliográficos. ....	50
Tabla 6. Supervivencia de diferentes cepas de IA H5 y H7 a diferentes temperaturas y en diferentes medios.....	55
Tabla 7. Tiempo de supervivencia de virus IA en diferentes alimentos. Datos de EFSA 2008. ....	55
Tabla 8. Grupos de patogenicidad de diferentes especies aviares frente a los virus de la influenza aviar determinados por Perkin y Swayne (2003).....	58
Tabla 9. Brotes de IAAP notificados desde 1959 hasta 2006. Tabla adaptada de Capua y Alexander 2004, complementada con datos de Becker 1966; Rivera et al., 1995; Alexander 2007, Alexander y Brown 2009; Pasick et al., 2009. ....	71
Tabla 10. Zonas de Especial Vigilancia de aves silvestres en .....	83
Tabla 11. Probabilidad de infección acumulativa de IAAP en función del censo de explotaciones aviares (Busani et al., 2009). ....	86

Tabla 12. Información REGA para cada una de las explotaciones aviares de CyL.....	101
Tabla 13. Categorías de riesgo en función del censo de las explotaciones en base al estudio de Busani et al., 2009.....	113
Tabla 14. Parámetros incluidos en el modelo IS+ para el submodelo de movimientos entre explotaciones de aves vivas.....	121
Tabla 15. Epidemias de IAAP, con el número de animales sacrificados y el coste en euros de la epidemia. ....	123
Tabla 16. Parámetros modificados en cada uno de los 8 escenarios elaborados para realizar el análisis de sensibilidad del modelo II.....	124
Tabla 17. Resultados de salida del modelo analizados para evaluar su variación .....	124
Tabla 18. Numero de explotaciones y censo de las mismas en ACGA en CyL en función del tipo de explotación de autoconsumo o no. Datos REGA 2008. ....	126
Tabla 19. Rangos de bioseguridad estimados para las explotaciones de ACGA .....	129
Tabla 20. Categorías de riesgo para la susceptibilidad estimadas para las explotaciones de ACGA .....	129
Tabla 21. Características de los humedales Ramsar seleccionadas para el estudio de su asociación con la presencia de IAAP en los humedales positivos. ....	131
Tabla 22. Número de humedales de CyL por provincias incluidos en el análisis. ....	134
Tabla 23. Datos de supervivencia del virus en el medio. ....	139
Tabla 24. Análisis de la SDV y SDV ponderada por censo en las explotaciones de ACGA de CyL. -	145 -
Tabla 25. Resultados del análisis de SDV y SDV ponderada en gallinas industriales.....	147 -
Tabla 26. Número de movimientos de aves vivas representado para la evaluación de las conexiones interprovinciales. Elaboración propia. ....	149
Tabla 27. Agrupaciones significativas de movimientos de entrada a explotaciones o mataderos de aves vivas en CyL (2008-2009) identificados mediante el modelo de permutación espaciotemporal de Kulldorf. Se indica el número de movimientos observados (O) y esperados (E) y su proporción (O/E). Elaboración propia.....	152
Tabla 28. Agrupaciones significativas de movimientos de salida de explotaciones de aves vivas en CyL (2008-2009) identificados mediante el modelo de permutación espaciotemporal de Kulldorf. Se indica el número de movimientos observados (O) y esperados (E) y su proporción (O/E). Elaboración propia.....	153
Tabla 29. Promedio de los valores de las encuestas de bioseguridad por tipo productivo de explotación.....	157
Tabla 30. Estadística descriptiva a nivel provincial de los valores de riesgo de cada explotación por movimientos de aves vivas. Elaboración propia. ....	159
Tabla 31. Tabla cruzada para la consideración del número de explotaciones (y su porcentaje respecto al total) incluidas en las diferentes categorías de riesgo (Muy alto, Alto, Medio y Bajo) de manera provincial y por tipo de explotaciones. Elaboración propia.....	162
Tabla 32. Municipios identificados como “focos calientes” de riesgo de difusión para la IAAP en CyL. ....	163
Tabla 33. Promedio de las granjas infectadas en la simulación de una epidemia de IAAP en CyL. Elaboración propia con los datos obtenidos mediante el programa informático Interspread+.....	165
Tabla 34. Número de animales infectados en función del tipo de explotación de origen de la epidemia. ....	166
Tabla 35. Resultados de la dinámica de una epidemia de IAAP en CyL obtenidos de su simulación, y separados en función de las diferentes zonas de riesgo categorizadas por el Modelo I. Se muestran los promedios y entre paréntesis la desviación estándar de los mismos.....	168
Tabla 36. Costes de una epidemia de IAAP en CyL obtenidos de su simulación, y separados en función de las diferentes zonas de riesgo categorizadas por el Modelo I.....	169
Tabla 37. Porcentaje de variación en cada escenario de cada una de las variables comparadas con el escenario 0.....	171

Tabla 38. Resultados cruzados de los valores de riesgo por municipio del Modelo I y Modelo II....	173
Tabla 39. Resultado del análisis bivariado del (test X <sup>2</sup> de Pearson) para un valor de $p < 0,2$ , con el objetivo de estimar la asociación entre las características medioambientales de los humedales Ramsar europeos y la positividad a la IAAP de los humedales. ....	179
Tabla 40. Resultado del modelo de RL que muestra la asociación entre los humedales positivos a IAAP y los factores medioambientales de los humedales Ramsar europeos. Siendo los coeficientes de regresión (B), el error estándar (S.E.), los Odds ratio (ORs) y el 95% del intervalo de confianza (I.C. 95.0%) lo que se muestra en la tabla.....	179
Tabla 41. Resultado del modelo de RL del estudio de controles pareados. Siendo los coeficientes de regresión (B), el error estándar (S.E.), los Odds ratio (ORs) y el 95% del intervalo de confianza (I.C. 95.0%) lo que se muestra en la tabla. ....	180
Tabla 42. Especies de aves silvestres censadas en el embalse de Almoguera. El valor del censo comprende el promedio de los censos realizados por la SEO en el periodo 1999-2007. Elaboración a partir de datos SEO. ....	183
Tabla 43. Datos de conductividad del embalse de Almoguera recogidos por la Confederación Hidrográfica del Tajo (CHT, 2009). ....	184
Tabla 44. Datos de conductividad del agua resultantes del muestreo realizado en Abril del 2010 en el embalse de Almoguera. Los puntos de localización de cada una de las muestras recogidas de agua se pueden observar en la Figura 41 del apartado 4.6.A.4.3 de Material y métodos.....	184
Tabla 45. Estadística descriptiva de los datos de supervivencia del virus por provincia, en la que se muestran los valores: (mínimo-máximo) y (media; desviación estandar) respectivamente y en ese orden. Elaborados mediante la herramienta Zonal statistics del software Arc Gis 9.3. ....	185
Tabla 46. Resultado por meses del Modelo III de riesgo de difusión de la IAAP en explotaciones de ACGC.....	188
Tabla 47. Agrupaciones significativas de movimientos de salida de explotaciones de aves vivas en CyL (2008-2009) identificados mediante el modelo normal de Kulldorf. Se indica el riesgo medio observado dentro y fuera de cada agrupación (cluster). Elaboración propia.....	189
Tabla 48. Resultados del análisis espaciotemporal de riesgo de difusión de IAAP en explotaciones de ACGA. En las columnas se identifican las agrupaciones identificadas y en las filas las características de las explotaciones que comprenden en su interior. ....	190
Tabla 49. Costes económicas directos e indirectos asociados a la ocurrencia de una epidemia. Elaboración propia mediante la revisión bibliográfica de Capua y Marangon, 2007; EFSA 2008; Vandendriessche, 2009; Soares 2010. ....	207 -
Tabla 50. Tabla comparativa de las ventajas e inconvenientes de cada uno de los dos modelos de riesgo de difusión elaborados en gallinas industriales, para poder visualizar la complementariedad de ambos. ....	211 -
Tabla 51. Parámetros de los modelos desarrollados que deberían ser modificados en el caso de su aplicación para el estudio de la difusión en otras enfermedades aviares.....	223 -
Tabla 52. Densidad de explotaciones por provincia y por explotación y provincia de gallinas industriales. Elaboración propia partir de datos REGA 2008.....	XXII
Tabla 53. Valores de censo y densidad de censo de gallinas industriales por provincial . elaboración propia a partir de datos REGA 2008. ....	XXIII
Tabla 54. Numero de explotaciones por provincia en cada uno de los niveles establecidos de censo. ....	XXIII
Tabla 55. Densidad de explotaciones por provincia y por explotación de ACGA. Elaboración propia partir de datos REGA 2008.....	XXVIII
Tabla 56. Valores de censo y densidad de censo de gallinas industriales por provincial. Elaboración propia a partir de datos REGA 2008. ....	XXVIII
Tabla 57. Valores de riesgo de difusión de la IAAP por provincia y mes, se muestran los valores: (mínimo-máximo) y (media; desviación estandar) respectivamente y en ese orden. Elaboración propia.....	XXXIII

## ABREVIATURAS:

Abreviaturas más importantes utilizadas en el documento:

Abreviatura	Significado
ACGA	Avicultura complementaria y gallinas de autoconsumo
BOE	Boletín oficial del estado
CA	Comunidad Autónoma
CyL	Castilla y León.
EMC	Evaluación multicriterio
DEFRA	Department for environment, food and rural affairs (Reino Unido)
FAO	Food and Agriculture Organization of the United Nations
IAAP	Influenza Aviar Altamente Patógena
IABP	Influenza Aviar de Baja Patogenicidad
IRMA	Identificación y Registro de Movimiento Animales
JCCyL	Junta de la Comunidad de Castilla y León
MARM	Ministerio de medioambiente rural y marino
OIE	Organización Mundial de la Sanidad Animal
OR	Odd ratio
RASVE	Red de Alerta Sanitaria Veterinaria
REI	Riesgo de la explotación por factores intrínsecos .
REGA	Registro Explotaciones Ganaderas Animales
RFMA	Riesgo por factores extrínsecos medioambientales
RD	Real decreto
RTim	Riesgo total por explotación (i) y mes (m)
RL	Regresión Logística
SDV	Desviación estándar espacial
SEO	Sociedad Española de Ornitología
SIG	Sistema de Información Geográfica
SEIR	Susceptible-Expuesto-Infectado-Recuperado
UE	Unión Europea

## 1. RESUMEN

### 1. 1.RESUMEN

El objetivo de esta tesis es identificar qué zonas presentan un mayor riesgo de difusión de la Influenza Aviar Altamente Patógena (IAAP) en España y evaluar las consecuencias que supondría dicha difusión, con el fin de contribuirse a la mejora de los planes de vigilancia y control frente a la enfermedad, tanto en aves silvestres como en domésticas. Para ello, se ha desarrollado un modelo de difusión de la IAAP muy adaptado a las características estructurales de nuestro sector avícola, que comprende dos escenarios diferentes, el de la avicultura industrial de gallinas y pollos y el de la avicultura complementaria unida a la producción de autoconsumo que incluye diferentes especies avícolas. El modelo consta de una primera parte en cada escenario en la que se han identificado diferentes zonas en función del riesgo de difusión, en base a la información disponible de las explotaciones avícolas, su localización y sus factores de riesgo. En el escenario de avicultura industrial de gallinas y pollos, se ha realizado una segunda parte consistente en un modelo estocástico dinámico que simula una epidemia de IAAP. Se ha utilizado como modelo territorial la Comunidad Autónoma de Castilla y León (Cyl), que ha sido seleccionada no sólo por ser representativa de la situación de la avicultura española, sino porque en varias de sus provincias se han identificado zonas de alto riesgo de entrada de la IAAP por aves silvestres y comercio de aves vivas (Martínez *et al.*, 2008; Martínez *et al.*, 2009, Sánchez-Vizcaíno *et al.*, 2010; Iglesias *et al.*, 2010a).

La IAAP es una de las enfermedades víricas infecciosas más importantes de las aves, debido a su alto poder de contagio, su alta tasa de mortalidad y las enormes pérdidas económicas, tanto directas como indirectas, que ocasiona en los países afectados. Es una enfermedad de declaración obligatoria según la OIE por lo que su presencia en cualquier país acarrea graves repercusiones en el comercio internacional de animales y productos de origen aviar. El subtipo H5N1 AP, ha tenido una rápida dispersión en los últimos años, afectando desde 2004 hasta 2009 a más de 60 países, produciendo importantes pérdidas económicas y también una gran alarma social debida a la ocurrencia de casos fatales en personas. Los brotes han tenido lugar en Asia Central, Oriente Medio, Europa y África tanto en aves domésticas como en silvestres. Aunque España sólo ha sufrido dos brotes puntuales (en 2006 y 2009) que no han experimentado difusión, el riesgo de entrada de la enfermedad es una realidad, debido por una parte a lo que representa este sector (ocupa el tercer puesto en producción de pollo a nivel europeo) y al gran volumen de importaciones de aves



vivas del que depende nuestra producción; y, por otra parte, al movimiento de aves silvestres, ya que España recibe muchas aves silvestres migratorias susceptibles a IAAP que proceden de países con alta probabilidad de infección (Martínez *et al.*, 2009). Por tanto, la gran repercusión que la difusión de la IAAP podría tener a nivel sanitario y económico en un país como el nuestro, ha sido una de las razones fundamentales que ha motivado el desarrollo de este trabajo. Otra de las razones ha sido la ausencia de trabajos previos en nuestro país, ya que hasta la fecha no se ha desarrollado ningún modelo de riesgo de difusión en influenza aviar adaptado a las características ambientales, geográficas y estructurales de España, que permita analizar las consecuencias de una incursión de IAAP. Por ello, el estudio que se presenta es novedoso y permite generar una información hasta ahora no disponible cuya finalidad consiste en mejorar los esfuerzos humanos y económicos empleados en la lucha contra esta enfermedad. El modelo desarrollado puede ser actualizado de manera continuada de acuerdo con las variaciones normativas y las variaciones estructurales del sector, con el fin de ofrecer información actualizada para dar respuestas de acuerdo con la realidad de nuestro país en cada momento.

Inicialmente se identificaron, analizaron y evaluaron todos los factores de riesgo de difusión, mediante estadística espacial, para determinar aquellos más relevantes y valorar la disponibilidad de información para su inclusión en el modelo. En el modelo de zonificación del riesgo de difusión de IAAP en explotaciones de gallinas industriales (Modelo I) se han considerado las características del sistema productivo en sí, basándonos en el grado de bioseguridad de los distintos tipos de explotaciones, según su producción y especies presentes y; en los movimientos de conexión entre granjas. En el modelo de zonificación de la difusión en explotaciones de avicultura complementaria y de autoconsumo, (Modelo III) se han incluido también diferentes factores medioambientales que contemplan la supervivencia del virus y el posible contacto con aves silvestres con probabilidad de estar infectadas. Para la integración de los factores en cada uno de los modelos se han empleado análisis de evaluación multicriterio espaciales que han permitido identificar el riesgo relativo de cada zona. Los resultados se han representado mediante mapas raster que permiten visualizar las áreas de mayor riesgo en los diferentes sistemas de producción avícola en CyL. En ambos modelos se han desarrollado análisis espaciales de los resultados obtenidos para poder interpretar de una manera más precisa los resultados obtenidos. En el modelo zonificación de la difusión en explotaciones de avicultura complementaria y de autoconsumo se ha aplicado un análisis espaciotemporal que permite identificar las zonas y los periodos de tiempo de mayor riesgo. Los resultados muestran una gran heterogeneidad en cuanto a la distribución del riesgo, identificando con claridad las áreas que deberían ser prioritarias para la vigilancia y control de la difusión de la IAAP. Así mismo, los resultados permiten identificar los humedales de mayor riesgo para la ocurrencia de IAAP, siendo también de gran utilidad para orientar los planes de vigilancia.

La simulación de la difusión una epidemia en gallinas y pollos industriales (Modelo II) desarrollada mediante un modelo estocástico ha permitido, identificar la dinámica de una

epidemia, identificar los parámetros más influyentes en la transmisión, analizar las consecuencias (número de animales infectados, coste etc.), e identificar los puntos críticos en las medidas de prevención y control de la difusión de la enfermedad. Este modelo complementa la fase anterior del mismo mostrándonos las consecuencias de una epidemia en cada una de las zonas de riesgo determinadas por el modelo de zonificación en gallinas y pollos industriales (Modelo I).

Los modelos desarrollados y los análisis realizados pueden ser una herramienta de gran utilidad para implementar los planes sanitarios de Castilla-León sobre IAAP, ya que permiten identificar las zonas de riesgo y gestionar los esfuerzos sanitarios y económicos. Este trabajo se ha desarrollado en el marco de los proyectos "Desarrollo de nuevos métodos para la vigilancia y control de Influenza Aviar en España" (RTA2006-00167-C02-02) y "Avances en epidemiología y diagnóstico de gripe aviar y enfermedad de Newcastle. Papel de las aves silvestres" (FAU2008-00001-C02-01) en los que participan el CISA-INIA y el departamento de Sanidad Animal de la Facultad de Veterinaria de la UCM, en cuyas instituciones se ha realizado esta tesis doctoral.



## 1.2. SUMMARY

The aim of this thesis is to identify which areas present a higher risk of spread of Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) in Spain and to evaluate the consequences that this diffusion would involve, to contribute to the improvement surveillance and control plans against the disease, both wild and domesticated birds. To this aim, it has been developed a diffusion model of HPAI highly adapted to the structural characteristics of our poultry sector, which includes two different stages, the industrial poultry farming of chickens, and backyard poultry combined with no-chicken poultry farm which including several avian species. The model comprises a first part in each scene in which different zones have been identified according to the risk of diffusion, based on information available from poultry farms, their location and their risk factors. Within the industrial poultry farming of chickens, it has been made a second part consisting of a dynamic stochastic model to simulate an epidemic of HPAI. It has been used as a territorial model the region of Castilla-Leon (CyL), which has been selected not only for being the reflect of the Spanish poultry's situation, but because in some of its provinces it has been identified high risk introduction areas of HPAI in wild birds and live poultry trade. (Martínez *et al.*, 2008; Martínez *et al.*, 2009, Sánchez-Vizcaíno *et al.*, 2010; Iglesias *et al.*, 2010a).

HPAI is one of the most important infectious viral diseases of poultry due to its high contagious power, its high mortality rate and the huge economic losses, both direct and indirect, that causes in the affected countries. It is a notifiable disease under the OIE so its presence in any country has serious implications for animal's international trade and avian origin products. HP H5N1 subtype has had a rapid spread in recent years affecting between 2004 and 2009 more than 60 countries, causing significant economic losses and also a large social alarm due to fatal cases in people. Outbreaks have notified in Central Asia Middle East, Europe and Africa in both domestic and wild poultry. Although Spain has just been two occasional outbreaks (in 2006 and 2009) who have not spread, the disease's risk of introduction is a reality, partly due to the importance that this sector represents (ranked third in poultry production European level) and the live birds large amount of import of which depends our production, and, moreover, the wild birds movement, because Spain hosts many susceptible migratory wild birds to HPAI from countries with high infection's probability (Martínez *et al.*, 2009). Therefore, the high impact that the spread of HPAI can have on health and economy in Spain, has been one of the main reasons which has motivated the development of this work. Another reason was the lack of previous work in this subject in our country, and so far it has not been developed any HPAI spreading model of risk adapted to the environmental, geographic and structural characteristics of Spain, in order to analyze an HPAI introduction's consequences. Therefore, the study presented here is innovative and let's generate information so far not available which is designed to improve human and economic efforts in the fight against this disease. The developed model can be updated continuously

according with the policy and structural changes in the sector, to provide current information for answers according with the reality of our country at all times.

Were initially identified, analyzed and evaluated all dissemination risk factors, with spatial statistics to identify those more relevant and evaluate the availability of information to include it in the model. In the zoning risk of HPAI spreading model in industrial chicken (Model I) we have considered the production system's characteristics itself, based on the biosecurity level of different holdings types, according to their production, species found and connecting movements between farms. At the diffusion's zoning model of backyard poultry combined with no-chicken poultry farm (Model III) are also included several environmental factors which consider viral survival and possible contact with wild birds likely to be infected. Multicriteria spatial analysis has been used for the factor's integration in each of the models, which have identified the relative risk of each area. The results have been represented by raster maps to visualize the greatest risk areas in different poultry production systems in Castilla-León. In both models have been developed spatial analyses of the results to deduct more accurately the results. In the zoning's diffusion model spread in backyard poultry combined with no-chicken poultry farm has been applied a spatiotemporal analysis to identify areas and higher risk periods. The results show great heterogeneity in the risk distribution, clearly identifying areas that should be a priority for monitoring and controlling the spread of HPAI. As well, the results make possible to identify the wetlands at higher risk for the presence of HPAI, and is also very useful to guide surveillance plans.

The spread epidemic simulation in industrial chicken (Model II) developed by a stochastic model has identified the dynamic of an epidemic and the most influential parameters in the transmission, has analyzed the impact (number infected animals, cost etc.), and has identified critical points in the prevention and control spread of the disease. This model complements the previous phase of same, showing the consequences of an epidemic in each of the risk areas identified by the zoning model in industrial chicken (Model I).

The models developed and analysis carried out can be a useful tool for implementing health HPAI plans for Castilla-León, since they allow the identification of risk areas and management the health and economic efforts. This work has been developed under the project "Development of new methods for monitoring and control of avian influenza in Spain" (RTA2006-00167-C02-02) and "Advances in epidemiology and diagnosis of avian influenza and Newcastle disease. Role of wild birds "(FAU2008-00001-C02-01) involving the CISA-INIA and the Department of Animal Health, Faculty of Veterinary Medicine, UCM, in whose institutions has been made this thesis.

# INTRODUCCIÓN

---



## 2. INTRODUCCIÓN

La expansión de las enfermedades aviares de alta difusión como son la Influenza Aviar Altamente Patógena (IAAP) y la enfermedad de Newcastle, representan una importante amenaza para el sector avícola a nivel mundial (Webster *et al.*, 2007) e incrementan el riesgo de infección en los países industrializados que poseen una gran inversión en el sector avícola, como es el caso de España. Los brotes del subtipo H7 de IAAP ocurridos en Europa en aves domésticas a finales del siglo pasado y principios del actual, así como la reciente propagación sin precedentes del subtipo H5N1 de IAAP a través de Asia, Europa y África, o de otras enfermedades como Newcastle, que también ha sufrido una reciente expansión, son un claro ejemplo de ello. De hecho, ambas enfermedades son un motivo de preocupación para la sanidad animal, e incluso para las autoridades de salud humana en todo el mundo debido a su potencial zoonótico, fundamentalmente en IAAP. La respuesta a estas preocupaciones es el reconocimiento de la necesidad de desarrollar estrategias eficaces en vigilancia y control para prevenir la incursión y la difusión de estas enfermedades emergentes, cuya detección y gestión temprana es la base de un mantenimiento estable de la industria avícola a nivel mundial. La eficacia de la vigilancia tiene como objetivo principal la reducción de las pérdidas directas e indirectas asociadas a los brotes de estas enfermedades y, en el caso de enfermedades zoonóticas, las amenazas para la salud humana.

La IAAP es una de las enfermedades víricas más relevantes de cuantas afectan a las especies aviares domésticas y silvestres, debido a su alto poder de contagio, a su alta tasa de mortalidad, y a las enormes pérdidas económicas que ocasiona en los países afectados, tanto directas como indirectas; estando clasificada por la Oficina Internacional de Epizootias (OIE) como enfermedad de declaración obligatoria (antigua "lista A"). La amplia distribución de la IAAP en los últimos años ha provocado la muerte de millones de aves domésticas y silvestres. Este hecho unido a los casos ocurridos en personas (más de 500 afectadas), con una mortalidad aproximada del 60% (OMS, 2010), ha causado gravísimas pérdidas económicas en el sector avícola y una gran alarma social. Los brotes de IAAP ocurridos en Europa en aves domésticas y silvestres, han sido representativos para nuestro país por la proximidad y la similitud de la industria, dejando patente la idea de que una situación en la que exista falta de conocimiento de la distribución de la enfermedad y de los factores de riesgo junto con una infraestructura de vigilancia inadecuada, puede dar como resultado una proliferación incontrolada de la enfermedad y unas pérdidas económicas que podrían producir importantes daños en la industria avícola. Por lo tanto, se puede determinar que una buena comprensión de la dinámica de dicha enfermedad en nuestro país es necesaria para utilizar una gestión adecuada adaptable a cada uno de los niveles tecnológicos existentes en el sector avícola de España. Es por ello que el desarrollo de este trabajo se ha centrado



en la búsqueda de respuestas para un mejor entendimiento de la difusión de la IAAP y de cómo podría afectar su incursión en nuestro escenario avícola.

Las lecciones aprendidas de los brotes de IAAP en aves domésticas en Holanda e Italia, cuya industrialización avícola es similar a la de España, así como de la difusión en aves silvestres ocurrida en 25 países europeos (OIE, 2010a), han permitido obtener una información en cuanto a los parámetros que conforman una epidemia y en cuanto a los factores de riesgo más importantes, que son la base para el desarrollo de los modelos de difusión. Estos modelos reproducen la dinámica de las enfermedades, aportando una información epidemiológica fundamental para el control y vigilancia de las mismas. Las autoridades sanitarias pueden encontrar en los modelos de difusión una herramienta útil para enfocar las actuaciones necesarias para llevar a cabo una vigilancia dirigida de las enfermedades aviares, o en el caso de su entrada, para impedir con rapidez su propagación. Con este fin, en los diferentes apartados presentados en este estudio, se expone el modelo del riesgo de difusión de la IAAP desarrollado, que se subdivide en tres modelos altamente adaptados a las características estructurales de nuestro sector avícola. Los modelos se han elaborado utilizando la comunidad autónoma de Castilla y León como ejemplo, por su importancia nacional en la industria avícola, por la identificación de algunas de sus provincias como zonas de riesgo en análisis de entrada de la IAAP por aves vivas silvestres o domésticas (Martínez *et al* 2009, Sánchez-Vizcaíno *et al.*, 2010; Iglesias *et al.*, 2010a), así como por la amplia heterogeneidad avícola que presenta debido a las grandes diferencias interprovinciales que podemos hallar en ella. El resultado es una información de gran utilidad para cubrir los requisitos en el diseño de estrategias eficaces de vigilancia y control de la IAAP en la industria aviar en España, un país que se encuentra actualmente libre de la enfermedad.

## 2.1. La avicultura en España

La avicultura en España ha tenido una evolución muy importante desde mediados del siglo XX, tanto en el sector de producción de carne como en el sector de puesta. Actualmente, la producción avícola se caracteriza por llevarse a cabo en unas condiciones altamente intensivas, en complejos avícolas cada vez mayores y más automatizados. La avicultura en España se centra en la cría industrial para la obtención de huevos (avicultura de puesta) y para la obtención de carne (avicultura de carne) con gallinas y gallos domésticos de la especie *Gallus gallus*, así como la cría de otras especies avícolas pertenecientes a la avicultura complementaria como son el pavo, la perdiz, el faisán, el avestruz, etc. Paralelamente, existe una avicultura "alternativa", basada en un sistema de producción compatible con el bienestar animal y el desarrollo sostenible, la mejora de las características organolépticas o la seguridad alimentaria, como por ejemplo la producción de pollo campero, pollo ecológico, capón o pularda.

### 2.1. A. Importancia económica del sector a nivel europeo y mundial

La Unión Europea (UE) concentra en la actualidad el 13% de la producción y las exportaciones de la industria avícola mundial. La producción avícola en la UE está concentrada en tan solo cinco países, Francia, Reino Unido, España, Alemania e Italia, que son responsables de las dos terceras partes del total de la producción.

#### 2.1.A.1. Avicultura de puesta:

España ha desarrollado de forma importante el sector avícola de puesta en los últimos años convirtiéndose en un país de referencia dentro de la UE. Ocupa el tercer puesto con un 11% de la producción de huevos, solamente precedida por Francia e Italia (**Figura 1**), y un cuarto puesto en cuanto al censo de gallinas ponedoras con un 14%.

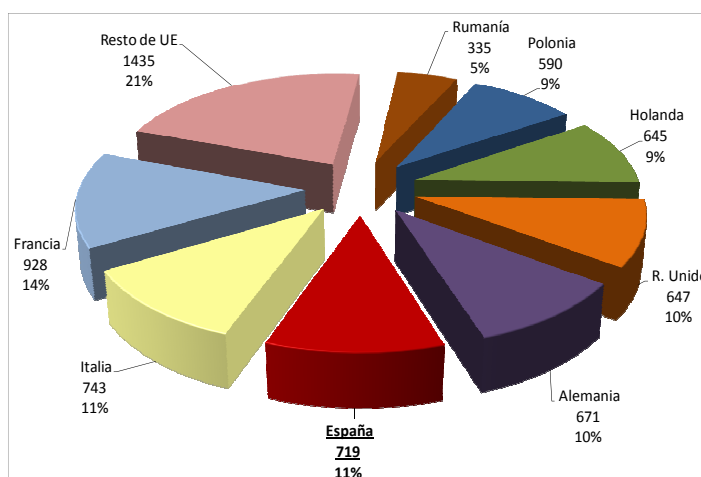


Figura 1. Producción de huevos de incubación y consumo en la UE-27 en 2009 (Miles de toneladas)  
Elaboración propia a partir de los datos de la S.G.Productos Ganaderos. (MARM, 2010a).

### 2.1.A.2. Avicultura de carne

España es uno de los principales productores mundiales de carne de ave, siendo el principal producto la carne de pollo (89%). Dentro de la UE, España ocupa el segundo lugar en la producción de carne de pollo con un 12% del total, precedida sólo por Reino Unido (Figura 2), y el cuarto lugar en cuanto al censo de aves de carne tras Francia, Reino Unido y Polonia, con un 12% del total. Sin embargo, en España la avicultura de carne de otras especies no tiene una representación importante dentro del marco de la UE, por ejemplo en la producción de carne de pavo, España aporta solamente un 1,4% del total de la UE.

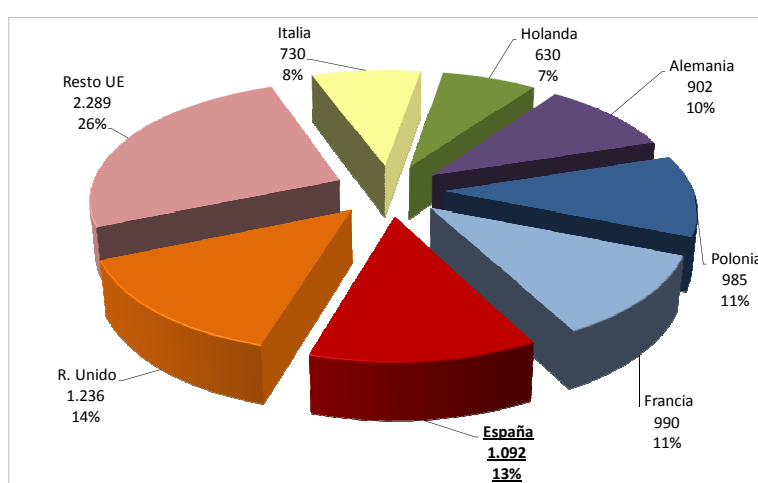


Figura 2. Producción de carne de pollo en la UE-27 (Miles de toneladas. Año 2009).  
Elaboración propia a partir de datos de la S.G.Productos Ganaderos. (MARM, 2010b)

### 2.1. B. Estructura y distribución del sector avícola en España

En los últimos años España ha sufrido grandes cambios en su avicultura, disminuyendo el número de explotaciones a menos de la mitad de las que existían en 1987 y pasando a ser exportadora a todos los países de Europa. Esta disminución debida a la industrialización del sector, en su mayoría con un sistema de explotación en jaula (Tabla 1), es inversamente proporcional al tamaño de las explotaciones que lo han sufrido (Feo Parrondo, 2003). Dentro de los sistemas de producción, encontramos dos variantes definidas por Sotillo *et al.*, (1996) como extensivo e intensivo. Los sistemas extensivos mantienen animales de escasa productividad, rústicos y no seleccionados para una única aptitud, en un medio desfavorable para un cultivo rentable y del que sin embargo depende para su alimentación y con unas exigencias mínimas de capital y de mano de obra especializada. Por el contrario, los sistemas intensivos, se caracterizan por un control completo sobre los animales seleccionados para una determinada aptitud, aportando los medios necesarios (alimentación, mano de obra, instalaciones, etc.) para posibilitar la maximización de las producciones.

Sistema de explotación	Explotaciones	Censo de gallinas
En jaula	72,03%	97,34%
Camperas	9,45%	1,40%
Suelo	15,12%	1,05%
Ecológica	3,32%	0,21%

**Tabla 1. Porcentaje de explotaciones y censo avícola en España en función del sistema de explotación. Elaboración propia a partir de los datos avícolas del REGA del 2008.**

Las explotaciones pueden ser divididas en función del destino industrial o de autoconsumo de los productos obtenidos, en "explotaciones de no autoconsumo" y en "explotaciones de autoconsumo". Como explotación de autoconsumo se considerará aquella que tiene destinada su producción al consumo familiar, sin que en ningún caso se comercialice parte alguna de la misma, según la definición del Registro General de Explotaciones Ganaderas (REGA, 2003). Ambos tipos de clasificación de explotaciones serán utilizados a lo largo de este trabajo, ya que marcan grandes diferencias entre explotaciones en cuanto a su nivel tecnológico, bioseguridad, ciclos, etc. importantes a la hora de evaluar la difusión de una enfermedad entre explotaciones.

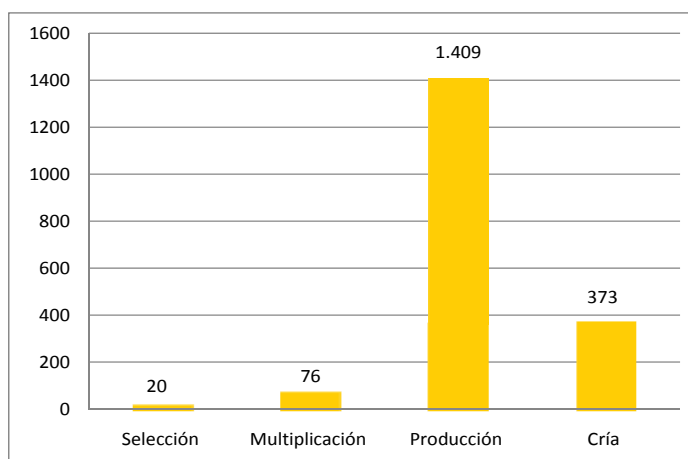
En España las aves han sufrido una concentración de sus explotaciones a áreas bien definidas, al igual que otras especies de ciclo corto como son cerdos y conejos. A grandes rasgos suelen coincidir las áreas productoras con las de sacrificio para una reducción de costes, aunque hay casos excepcionales, como es el de Madrid, donde las aves "entrantes" para consumo proceden en un alto porcentaje de distancias del orden de 55Km, es decir de las provincias colindantes.

### 2.1.B.1. Avicultura de puesta:

La avicultura de puesta representa en España una actividad ganadera de primer orden, aportando a la renta agraria unas cifras que se incrementan cada año, lo que la configura como un sector firmemente implantado y consolidado en la economía ganadera nacional. La producción de huevos en el 2008 en España representó el 7% de la producción final ganadera y el 2% de la producción final agraria del país.

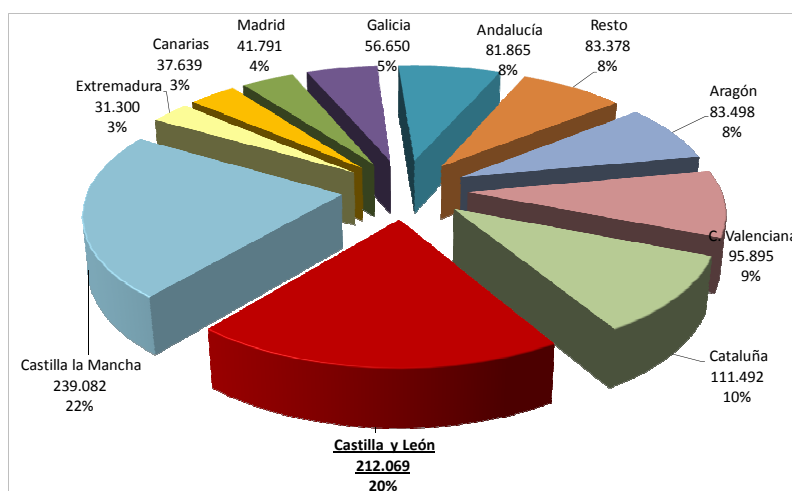
En España, la gran mayoría de las aves ponedoras son gallinas (de las cuales un 91% son selectas y el resto son gallinas camperas). Tan sólo un 0,25% del censo corresponde a otras aves ponedoras (pavas, patas y ocas). Por tanto, la siguiente descripción del sector avícola de puesta se referirá a las gallinas.

Las explotaciones son fundamentalmente de producción y cría (**Figura 3**), ya que nuestro país no dispone de estirpes propias por lo que necesita importar genética, procedente de EEUU o de Reino Unido principalmente.



**Figura 3. Explotaciones de gallinas ponedoras por clasificación zootécnica en España.**  
Elaboración propia a partir de datos del 2010 de la S.G.Productos Ganaderos. (MARM, 2010a)

España cuenta con un censo de gallinas ponedoras de 40 millones de animales y una producción anual de 1.100 millones de docenas de huevos por un valor de 1.062 millones de euros. La producción de huevos se concentra especialmente en las comunidades autónomas de Castilla-La Mancha, Castilla y León y Cataluña con casi las 2 terceras partes de la producción nacional (**Figura 4**). La estimación de consumo por persona y año es de 248 huevos (MARM, 2010a).



**Figura 4. Censo de gallinas ponedoras en España (miles de aves) en 2009.** Elaboración propia a partir de datos de la S.G.Productos Ganaderos. (MARM, 2010a)

El tipo de explotación de las aves de puesta es en un 98,5% en naves cerradas sin acceso al exterior, predominando la forma de cría en jaula con un 97% del censo de ponedoras del país (**Figura 5**). El 1,5% restante corresponde a explotaciones al aire libre para huevos camperos o de corral (MARM, 2010a).

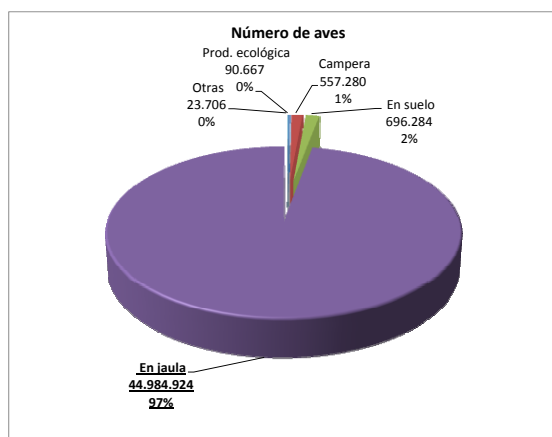


Figura 5. Censo de gallinas ponedoras por formas de cría en España (Nº de aves). Elaboración propia a partir de datos del REGA a 21/05/2009 (MARM, 2010a).

Las pollitas de un día, recién salidas de la incubadora, se crían durante seis semanas; posteriormente se someten a un proceso llamado **recría** enfocado a que entren en puesta en las mejores condiciones posibles. El proceso productivo en una nave de ponedoras comienza con la entrada de las pollitas con una edad aproximada de 17 semanas. Entre la semana 18 y 20 de vida las pollitas alcanzan la madurez sexual y comienzan su ciclo de puesta que dura entre 12 y 18 meses. Los ciclos por explotación suelen ser de 0,67-1 por año. Los residuos se denominan gallinaza, se retiran con una frecuencia semanal y se emplean, generalmente, como fertilizante agrícola (MARM, 2010c).

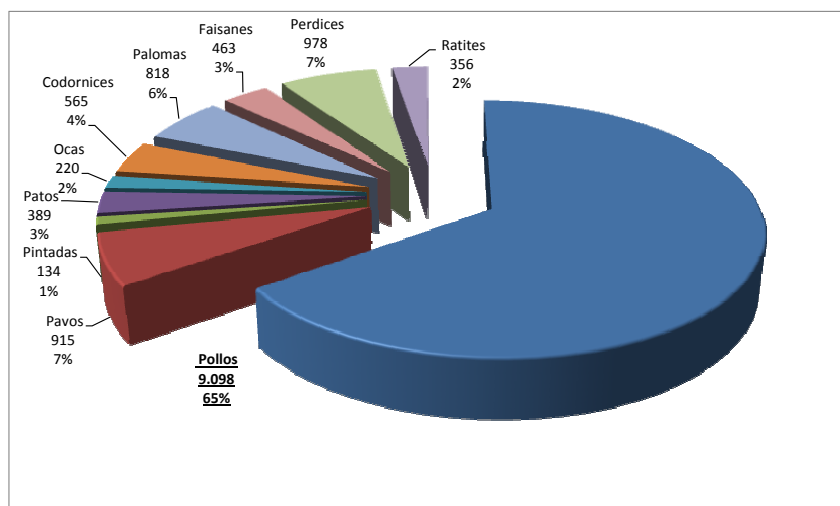
A diferencia de la avicultura de carne, en la de puesta no predomina el sistema de integración, sino que cada granja tiene sus propias explotaciones o lo hace a través de cooperativas. En la avicultura de puesta hay 10 empresas que suponen el 20% de la producción. Entre ellas destacan firmas como Hibramer, Coren, Guissona, Cantosblancos, Dagü, Cooperativa Avícola de Burgos, Pitas y Mayper.

### 2.1.B.2. Avicultura de carne:

La avicultura de carne constituye en la actualidad una de las producciones ganaderas más importantes de nuestro país. Aporta alrededor de un 20% de la cantidad total de carne producida, superada tan sólo por la carne de porcino (MAPA, 2003). Durante las últimas dos décadas, la producción de carne de ave ha crecido de manera continuada con un importante aumento del censo de los animales y de la productividad, proliferando explotaciones avícolas con distintas orientaciones y especializaciones dentro del sector. La carne aviar es la más consumida en fresco, y la segunda en consumo total tras la carne de porcino. La producción de carne de aves en el 2009 en España representó el 12,4% de la

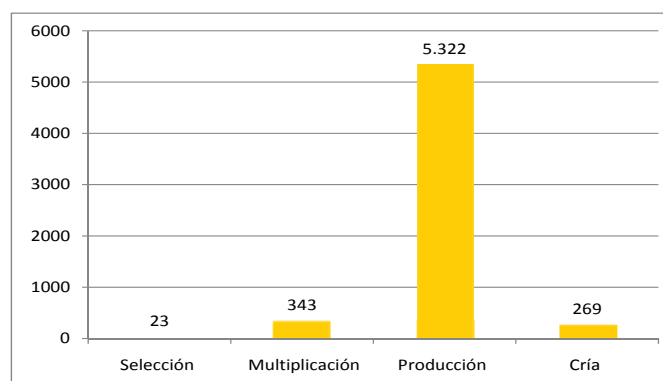
producción final ganadera y el 4,3% de la producción final agraria del país con un total de 1.669,1 millones de euros (MARM, 2010b).

La avicultura de carne se concentra (en un 65,3%) en la cría de pollo de gallina de engorde de alta selección genética, también conocido como "broiler" (**Figura 6**). El pavo también registra cifras significativas, aunque netamente inferiores, y su evolución productiva junto con la de especies cinegéticas (perdices, codornices y faisanes) ha mostrado una tendencia al alza en los últimos 2 años (MARM, 2010b).



**Figura 6.** N° de explotaciones por especies avícolas en España. Elaboración propia a partir de los datos del REGA actualizados a 01/05/10 (MARM, 2010b).

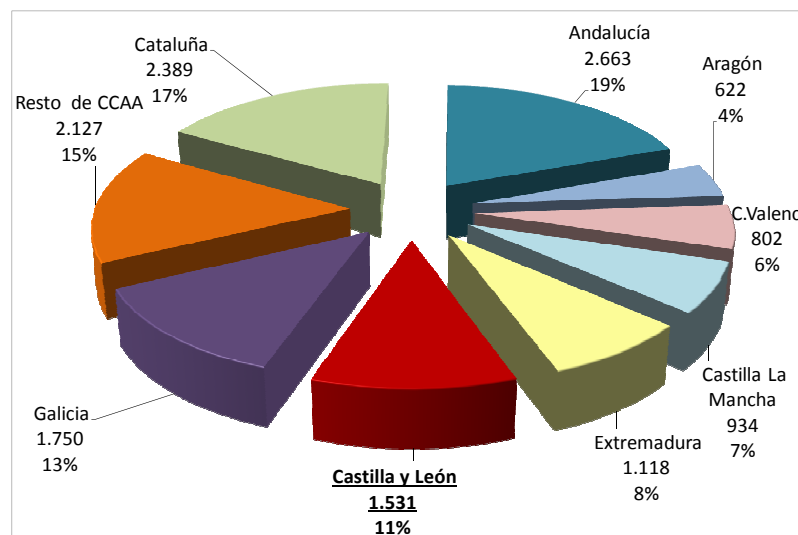
Las explotaciones son fundamentalmente de producción como podemos ver en el siguiente gráfico (**Figura 7**). Es necesario señalar que al igual que en la avicultura de puesta, España no dispone de estirpes propias por lo que necesita importar genética procedente de EEUU o de Reino Unido principalmente.



**Figura 7.** Número de explotaciones de pollos para carne según su clasificación zootécnica en España en Mayo del 2010. Elaboración propia a partir de los datos de la S.G.Productos Ganaderos (MARM, 2010b).

España cuenta con un censo de reproductoras de carne de 4.383 miles de aves y una producción anual aproximada de 1.300.000 toneladas de carne. Las explotaciones de

carne de ave se localizan mayoritariamente en Andalucía, Cataluña, Galicia y Castilla y León(CyL) (**Figura 8**) con los mayores porcentajes de producción de carne del país (MARM, 2010b).



**Figura 8. Número de explotaciones de especies avícolas de carne por CA. Elaboración propia a partir de los datos de la S.G. Productos Ganaderos. (MARM, 2010b).**

Los pollos para carne se suelen cebar sobre yacija en naves diáfanas. En la nave se introducen pollitos de un día que en aproximadamente 45-60 días se envían al matadero con una media de peso bruto de 2,5 Kg. La yacija se retira al final de cada ciclo y se emplea generalmente como fertilizante agrícola. Suele haber 6 ciclos anuales por explotación (MARM, 2010d).

Considerando como "grado de modernización" la presencia o ausencia de una serie de aspectos indicadores de tecnificación, como son los comederos/bebederos automáticos, disposición de grupo electrógeno, control de ambiente mediante ordenador, etc., podemos decir que del total de explotaciones dedicadas a la cría de pollo como actividad principal, más de un 60% ostentan un grado de modernización medio/alto, siendo las regiones con explotaciones más modernas Aragón, Cataluña, C. Valenciana y Castilla La Mancha (MAPA, 2003).

La producción de carne de pollo se realiza casi en su totalidad mediante el sistema de integración, es decir, los grandes grupos con mataderos y fábricas de piensos llegan a un acuerdo para su cría con un número elevado de granjeros, los cuales ponen sus instalaciones y trabajo y a quienes pagan una cantidad establecida por pollo criado. El sector del pollo ha experimentado en los últimos años un fuerte proceso de concentración, lo que supone que una docena de empresas controlan el 90% del mercado y un 10% se encuentran en régimen de independientes o cooperativas. A la cabeza se halla el grupo Sada, filial de la holandesa Nutreco, con casi el 30% de cuota, seguido del grupo cooperativo Coren con el 12%. En



segundo plano se hallan otros grupos como Uvesa, la francesa Doux, Arpisa, Avicu o Guissona.

### ***Avicultura de puesta: Otras especies avícolas de carne en España***

A pesar de la relevancia del pollo como especie principal en la producción nacional de carne de ave, durante los últimos años se ha producido en la UE y en España un incremento de otras producciones, impulsado por razones de orientación al consumo. El mayor consumo de aves encuadradas en la avicultura complementaria es algo ocasional, por ejemplo durante las fiestas navideñas, o estacional durante los meses de caza, en el caso de las aves cinegéticas. Existen pocas empresas avícolas especializadas en este tipo de producciones, y la mayoría están concentradas en Cataluña y Aragón (MAPA, 2003). A continuación se citan los ejemplos más importantes:

***La producción de pavo de carne*** en España ha tenido un aumento importante a partir de 1987. Hasta entonces se concentraba exclusivamente en Cataluña. La producción ha pasado de tener su origen en reproductoras importadas a ser mayoritariamente procedente de la importación directa de huevos para incubar. Este factor se ha visto favorecido por la entrada de España en la UE, y permite regular mejor la producción. El censo se sitúa en 2,4 millones de cabezas con una producción anual de 20.500 toneladas de carne. Las CCAA con mayor número de explotaciones y censo de pavos son Andalucía y Cataluña. Los ciclos por explotación suelen ser 2-3 anuales alcanzándose pesos de hasta 15 Kg. en animales de 18 semanas de vida.

***La producción de carne de pato*** tiene actualmente un censo de aproximadamente dos millones de patos, de los que un 20%, aproximadamente, se destinan a carne y el 80% sólo a la obtención de hígados. Para la producción de carne de pato en España se utilizan básicamente dos razas: la Pekín y la Barberíe. La localización de la mayoría de las explotaciones y censo de patos y ocas se encuentra en Cataluña, seguida por CyL.

***La producción de especies cinegéticas*** para carne, entre las que se incluyen codornices, faisanes y perdices tiene los censos más elevados en Cataluña, CyL, Castilla la Mancha y Extremadura. Las codornices y perdices se encuentran fundamentalmente en explotaciones dedicadas a la repoblación y suelta para la actividad cinegética.

## 2.1. C. Estructura y distribución del sector avícola en Castilla-y León (CyL)

Las producciones ganaderas de más valor en CyL son las de las especies bovina, porcina, ovina y las aves ubicadas en explotaciones intensivas localizadas cerca de los núcleos de población más importantes (MAPA, 2003).

### 2.1. C.1 Antecedentes de la avicultura en CyL

La producción avícola constituye una importante riqueza para la comunidad de CyL, con una larga tradición en el sector. Existe desde 1980 una gran especialización en avicultura de puesta en la región. Hasta 1998, CyL tenía los mayores censos de ponedoras de España siendo más tarde desplazada a un segundo puesto por Castilla la Mancha.

El sector avícola de puesta ha tenido una evolución positiva en los últimos años. La producción en aves selectas ha ido aumentando frente a las ponedoras camperas (**Figura 9**), desarrollándose una industria de producción intensiva en la que predomina la producción en batería y en la que existe un alto nivel tecnológico. Destaca el aumento del censo producido en 2004 que fue debido a la falta de huevos en el mercado y al consiguiente aumento del precio de los mismos consecuencia directa del sacrificio masivo de ponedoras en Holanda para erradicar la epidemia de IAAP declarada ese año en ese país (Rubio *et al.*, 2007).

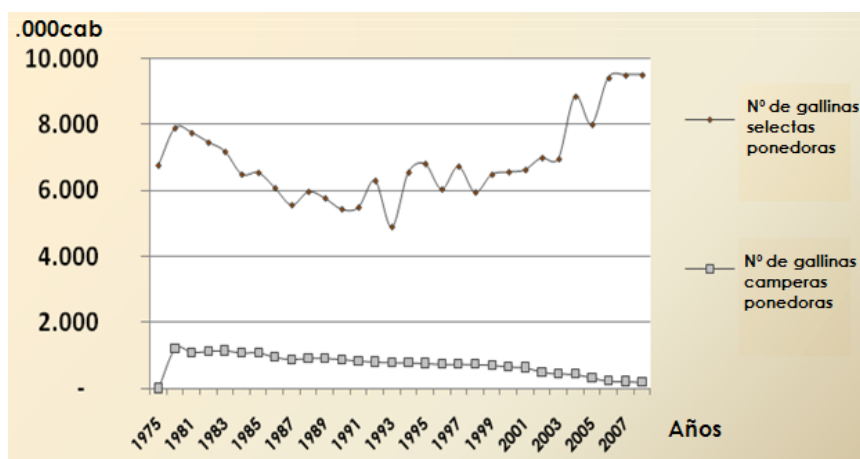


Figura 9. Evolución de las gallinas ponedoras en la CA de CyL desde 1975 hasta 2007. Elaboración propia a partir de los datos del Servicio de Estadística, Estudios y Planificación agraria.

En cuanto a la producción de carne avícola aunque no ha tenido un incremento muy significativo, se ha mantenido estable en los últimos años.

### 2.1. C.2. Situación actual de la avicultura en CyL

La avicultura en CyL se centra al igual que en el resto de España, en la avicultura de pollos, tanto de puesta como de carne, que representa el 88% de las explotaciones de la CA.

De los más de 28 millones de cabezas avícolas censadas en CyL, casi 27 millones corresponden a la avicultura de pollos.

En la actualidad, en CyL encontramos gran cantidad de explotaciones de autoconsumo de pollos (3.636 explotaciones), con censos inferiores a 100 cabezas, frente a las 662 explotaciones de no autoconsumo. Sin embargo, las explotaciones de no autoconsumo son las de mayor producción, especialización industrial y tecnología, y comprenden el 99% del censo con casi 27 millones de cabezas (**Tabla 2**). Podemos diferenciar tres grandes grupos en función de la clasificación zoológica del REGA: reproductoras, pollos de carne o broilers y ponedoras. Los dos últimos tipos comprenden los mayores censos ya que son las explotaciones destinadas a la producción propiamente dicha. Existe un cuarto tipo de explotaciones que son las incubadoras, de las cuales encontramos 7 en CyL, cuyas características son diferentes a una explotación normal, pero de gran importancia en la determinación de la difusión de una enfermedad, ya que realizan muchos movimientos diarios a explotaciones para distribuir aves vivas.

Especie	Nº de granjas			Censo (cabezas)		
	No autoconsumo	Autoconsumo	Total	No autoconsumo	Autoconsumo	Total
<b>Broilers</b>	420 (16,5%)	1.579 (77,5%)	1.999 (78,6%)	14.720.074 (99%)	49.596 (0,01%)	14.769.635
<b>Ponedoras</b>	178 (7%)	295 (11,6%)	473 (18%)	8.958.803 (99%)	3.762 (0,01%)	8.962.565
<b>Reproductoras</b>	64 (2,5%)	6 (0,2%)	70 (2,7%)	3.137.646 (99%)	68 (0,01%)	3.137.714
<b>Total general</b>	662 (15,4%)	1.880 (74%)	2.542 (100%)	26.816.523 (99%)	53.391 (0,01%)	26.869.914

**Tabla 2. Número de granjas y censo en CyL clasificado por especie y tipo zootécnico de consumo. Elaboración propia a partir de datos de la JCCyL y REGA 2008.**

En cuanto a las explotaciones de avicultura complementaria de CyL, de las 649 granjas que se encuentran dadas de alta, 225 son de no autoconsumo y comprenden el 97% del censo. Las 424 restantes son de autoconsumo y tienen censos inferiores a 100 cabezas en su mayoría, salvo algunas explotaciones de palomas, con censos entre 100-1500 cabezas. Como muestra la **Tabla 3**, la mayoría de las especies, salvo las perdices, presentan un mayor número de granjas de autoconsumo. Sin embargo el censo se concentra (excepto en pavos y pintadas) en las granjas de no autoconsumo, que son las destinadas a la producción industrial.

La cría de palomas siempre ha representado un aporte a la economía familiar en CyL. Actualmente sobreviven un 70% de los palomares existentes, pero solo un 10-15% son realmente explotados. Su producción se destina a la obtención de carne (sobre todo de pichones) y palomina (como fertilizante). También se utilizan en campos de tiro, especialmente en Zamora (Feo Parrondo, 2003).

En conjunto, la distribución sectorial de la producción y la economía en CyL muestra una importante participación del sector agrícola y ganadero, que tiene un mayor peso en

esta CA (7,2%) en comparación con el resto de España (4%) (Rubio *et al.*, 2007; MARM, 2010a y b).

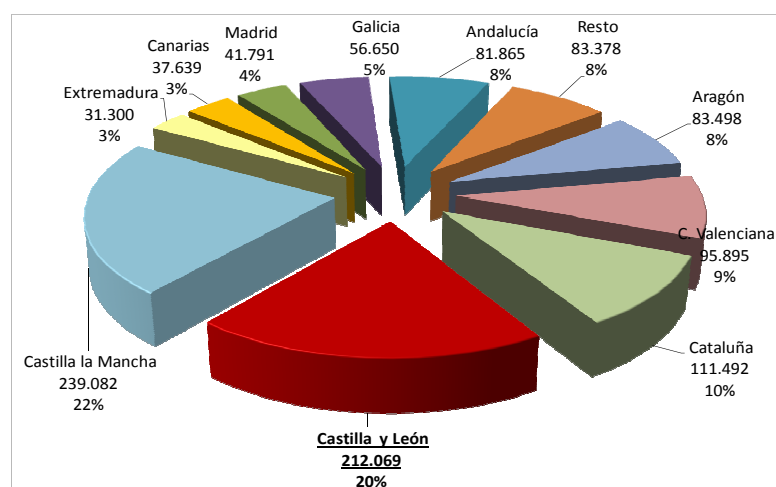
Especie	Nº de granjas			Censo (cabezas)		
	No autoconsumo	Autoconsumo	Total	No autoconsumo	Autoconsumo	Total
Codornices	7 (50%)	7 (50%)	14	12.871 (98%)	152 (2%)	13.023
Faisanes	20 (49%)	21 (51%)	41	44.664 (99%)	215 (0.01%)	44.879
Ocas	2 (8%)	26 (92%)	28	26 (11%)	222 (89%)	248
Palomas	105 (28%)	268 (72%)	373	60.165 (66%)	30.215 (33%)	90.380
Patos	6 (17%)	30 (83%)	36	25.611 (99%)	224 (0.01%)	25.835
Pavos	1 (2%)	53 (98%)	54	2 (0.01%)	283 (99%)	285
Perdices	52 (77%)	15 (23%)	67	1.094.528 (99%)	215 (0.01%)	1.094.743
Pintadas		4 (100%)	4		44 (100%)	44
Ratites	32 (100%)		32	1.616 (100%)		1.616
Total	225 (35%)	424 (65%)	649	1.239.483 (97%)	31.570 (3%)	1.271.053

**Tabla 3.** Número de granjas y censo por especies y tipo de zootécnico de autoconsumo o no en CyL. Elaboración propia a partir de datos de la JCCyL y REGA 2008.

En CyL existen 19 mataderos avícolas dados de alta, 16 homologados y 3 no homologados, localizados en las provincias de Valladolid (5), Segovia (3), León (3), Burgos (2), Palencia (2), Zamora (2) Ávila (1) y Soria (1), donde se realizan los sacrificios de las explotaciones cercanas, incluso las de fuera de la comunidad.

### ***La avicultura de puesta en CyL***

La importancia del sector avícola de puesta en CyL se refleja no sólo en la producción final agraria de la CA, sino también en la contribución en la producción de huevos a nivel nacional, con un 20% del total (**Figura 10**) y un 18% del censo de ponedoras, solamente precedido por Castilla la Mancha.

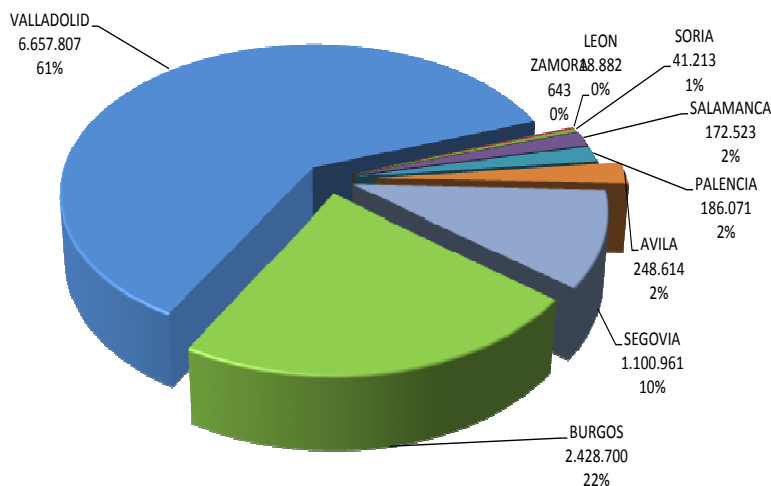


**Figura 10.** Distribución de la producción total de huevos de gallina por CCAA en España (Miles de docenas. Año 2008). Elaboración propia a partir de los datos de la S.G.Productos Ganaderos (MARM, 2010a).

En CyL existen 227 explotaciones de gallinas ponedoras (excluyendo las de autoconsumo) repartidas en más de 70 municipios. Dentro de CyL, se observan fuertes diferencias entre unas provincias y otras. Los casos extremos vienen representados por Valladolid, Burgos y Segovia, en el sector avícola de puesta representan el 61%, el 22% y el 10% respectivamente sobre el censo total de ponedoras (**Figura 11**). La producción de huevos se concentra de forma muy particular en dos provincias, Valladolid y Burgos.

Los censos de las explotaciones industriales son muy dispares, oscilando entre 100 y 1.000.000 gallinas ponedoras. La producción de huevos se realiza en unidades productivas de tamaño mediano (entre 75.000-200.000 cabezas) y grande (más de 200.000) con una fuerte tecnificación y especialización.

La avicultura de autoconsumo ha estado muy arraigada de manera tradicional a la ganadería de la zona. Por ello aunque son un porcentaje muy bajo del censo total de CyL, normalmente con censos de menos de 100 gallinas por granja, existe un elevado número de explotaciones de este tipo.



**Figura 11.** Censo provincial de avicultura de puesta en CyL (Cabezas y %). Elaboración propia a partir de datos de la JCCyL y REGA 2008.

### ***La avicultura de carne en CyL***

En lo que respecta a la producción de carne de ave, CyL tiene una importante representación en el total nacional, aunque menor que en el caso de la avicultura de puesta, ocupando la quinta posición tras Cataluña, Andalucía, Comunidad Valenciana y Galicia (**Figura 12**).

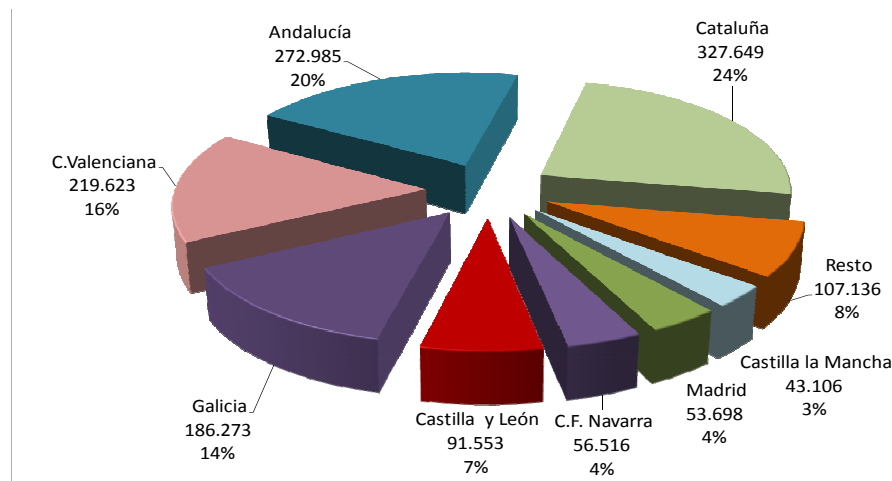


Figura 12. Distribución de la producción total de carne de aves por CCAA en España (Toneladas. Año 2008). Elaboración propia a partir de datos de la S.G.Productos Ganaderos (MARM, 2010b).

Dentro de la avicultura de carne de pollo, se localizan 444 explotaciones productoras de pollo dadas de alta (excluyendo las de autoconsumo). La distribución es más homogénea que en la avicultura de puesta. Burgos, Segovia, Valladolid, y León son las provincias que mayor porcentaje de censo albergan (Figura 13).

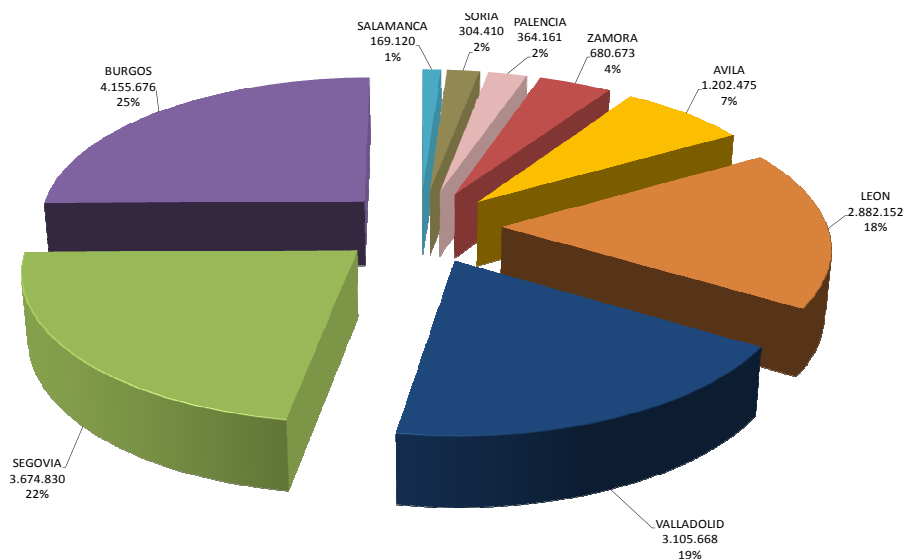


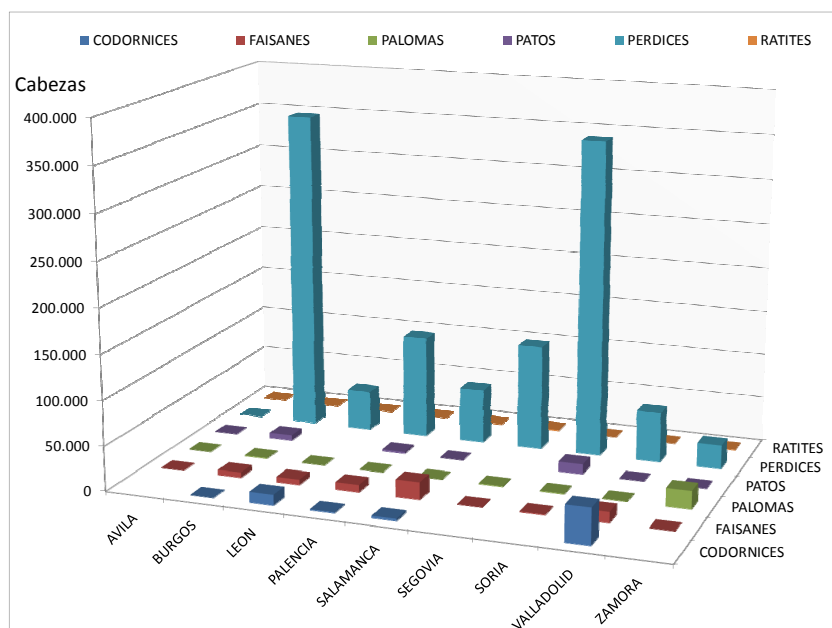
Figura 13. Censo provincial de avicultura de carne (Cabezas y %). Elaboración propia a partir de los datos de la JCCyL y REGA 2008.

Los tamaños de las explotaciones de no autoconsumo son menores que en el caso de ponedoras y existe un mayor número de explotaciones de pequeño tamaño (Menores de 100.000 cabezas) que comprenden más del 50% del censo total. Los censos de las explotaciones de las granjas de autoconsumo son menores de 100 gallinas (Tabla 4). Durante el año 2008 se sacrificaron 50,5 millones de aves con una producción de carne de 91.553 TM.

Tamaño (cabezas)	Nº Granjas	Nº Broilers	% censo
0-10.000	3.842	410.743	2,78
10.001-20.000	113	1.684.700	11,41
20.001-40.000	104	3.157.231	21,38
40.001-100.000	77	4.985.486	33,75
100.001-200.000	11	1.642.567	11,12
200.001-400.000	9	2.388.908	16,17
>400.000	1	500.000	3,39
Total	4.157	14.769.635	100,00

**Tabla 4. Nº de explotaciones y censo de broilers en Cyl en función del tamaño de la explotación. Elaboración propia a partir de datos de la JCCyL y REGA 2008.**

En cuanto a la avicultura complementaria de carne, Cyl presenta 54 explotaciones de pavos, 14 explotaciones de codornices, 41 de faisanes, 30 de ocas, 376 de palomas, 38 de patos, 54 de perdices y 33 de avestruces. Destacando, como podemos observar en la Figura 14, la producción de perdices de Burgos, Soria, Palencia y Segovia, con un censo total de más de un millón de cabezas. Le sigue en menor medida la producción de palomas con un total de más de 90.000 cabezas en Zamora, Valladolid y Palencia, y la producción de codornices en Valladolid (Según datos del año 2008 de la Consejería de Ganadería de Cyl).



**Figura 14. Censo provincial de avicultura complementaria de carne en Castilla y León (Cabezas). Elaboración propia a partir de los datos de la JCCyL y REGA 2008.**

## 2.2. Descripción de la enfermedad orientada a la epidemiología de la misma:

Las características epidemiológicas de la transmisión de una enfermedad (periodo de incubación, supervivencia del virus, tasa de transmisión etc), son fundamentales a la hora de entender su dinámica. Las mayores diferencias entre modelos de difusión de distintos virus aviares se encontrarían en los parámetros de transmisión y supervivencia de cada virus cuyas variaciones ejercerían importantes cambios en dichos modelos.

### 2.2. A. Etiología

La IAAP junto con la enfermedad de Newcastle son las enfermedades víricas aviares más importantes tanto en aves domésticas como en silvestres. Ambas son de reciente actualidad por las diferentes epidemias ocurridas en aves domésticas que han tenido una importante repercusión en la economía ganadera y en algunos casos en la salud pública.

A continuación se desarrollará un breve resumen describiendo las características de la IAAP enfocadas en aquellos parámetros que son la base del desarrollo de un modelo epidemiológico.

La IAAP es conocida por los veterinarios desde 1878, cuando fue descrita por primera vez en Italia por Perroncito, definiéndola como “una enfermedad grave de los pollos”. En el pasado fue reconocida en algunos países como la “peste aviar” (en España ese nombre era empleado para la enfermedad de Newcastle). Sin embargo, no fue hasta 1955 cuando se demostró que la “peste aviar” estaba producida por un virus influenza tipo A, siendo aislado por Schafer en gallinas enfermas en Alemania, y un año más tarde, por Koppel en patos en la antigua Checoslovaquia (Sanz, 2006). La OIE define como influenza aviar de declaración obligatoria a la infección de las aves de corral por cualquier virus de influenza de tipo A perteneciente a los subtipos H5 o H7 o por cualquier virus de influenza aviar con un índice de patogenicidad intravenosa superior a 1.2 o que cause una mortalidad de un 75% de los casos (OIE, 2010b).

Los virus influenza pertenecen a la familia *Orthomyxoviridae* dentro de la cual, basándose en las diferencias entre las nucleoproteínas y la proteína matriz M1, se diferencian los tipos A, B, C y Thogotovirus. Los virus de la influenza aviar pertenecen al tipo A (Alexander, 2007).

El virus IA esta recubierto por una envoltura lipídica que pertenece a la célula infectada, y en ella se insertan los antígenos de superficie que son los que condicionan más fuertemente la relación virus-huésped y su capacidad infecciosa (Pérez-Breña y Casas, 2004). Estos son:



**Hemaglutinina (HA):** Es la proteína de superficie que facilita la unión y la penetración del virus en la célula que va a infectar mediante la fusión de las membranas celular y viral. En la HA se encuentran localizados los lugares antigénicos a los que van dirigidos los anticuerpos que pueden neutralizar la infectividad vírica, y poseen utilidad diagnóstica (para las pruebas de hemoaglutinación y de inhibición de la hemoaglutinación). Para adquirir el poder infectivo, es necesario que la HA se escinda en 2 fragmentos, produciéndose la activación, mediante proteasas específicas tipo tripsina que sólo están presentes en tejidos respiratorios y digestivos. En los subtipos de alta patogenicidad las HA que presentan una secuencia de aminoácidos "fácilmente reconocibles", es decir, series múltiples de aminoácidos básicos (Lisina, K, arginina, R) en el punto de escisión de la HA, que son activadas por diferentes proteasas permitiendo que el virus pueda penetrar en cualquier tipo de células, invadiendo diferentes tejidos y órganos (Tollis y Trani, 2002).

**Neuraminidasa [NA]:** La NA tiene una función enzimática, facilita la liberación al medio extracelular de los nuevos virus formados y por tanto la infección de nuevas células. Su papel en la infección, difusión y transmisión es también muy relevante, al igual que la utilidad diagnóstica de sus antígenos y de los anticuerpos dirigidos contra ella, aunque en menor medida que en la HA.

**Proteína M2:** La proteína M2 forma canales iónicos que permiten el paso de protones a través de la envuelta y desempeña un papel importante en la pérdida de la cubierta del virus. También existen anticuerpos frente a ella asociados con una reducción de la replicación del virus.

En el interior de la envuelta se encuentran:

**La proteína M1** situada bajo la envoltura, se dispone en forma de una matriz proteica;

**la proteína NS1**, es una proteína no estructural, con localización nuclear y efecto sobre el transporte celular y traducción del ARN.

**la proteína NP** es una nucleoproteína.

**otras tres proteínas, PA, PB1 y PB2** que intervienen en la transcripción del ARN y en la síntesis del ARN complementario y que constituyen el complejo ARN polimerasa. La polimerasa PB1 y la proteína no estructural NS1 también parecen estar implicadas en la patogenicidad del virus.

**el genoma vírico**, que está constituido por 8 segmentos de ARN, de cadena sencilla y polaridad negativa. La segmentación del genoma es el origen de la variabilidad genética de los virus Influenza, que es una de sus características fundamentales.

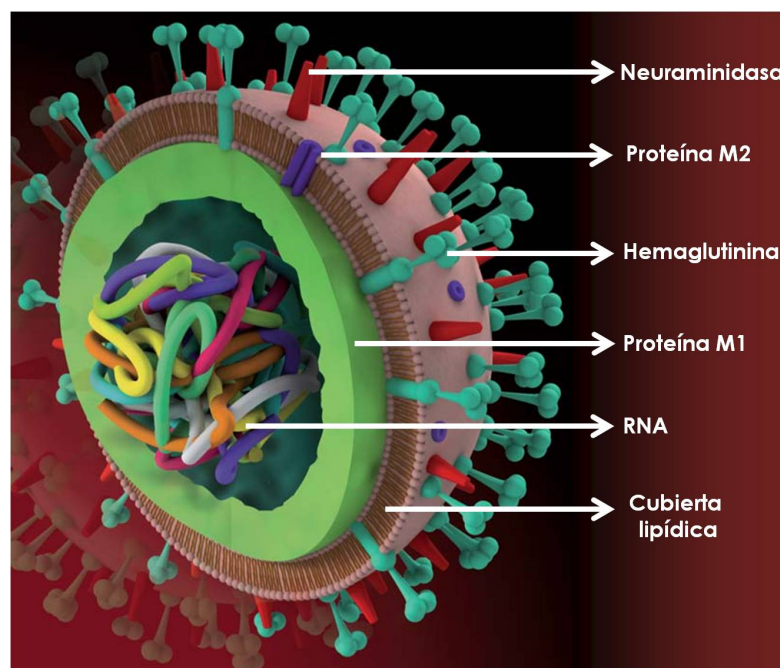


Figura 15. Esquema del virus de la influenza seccionado para poder apreciar sus diferentes componentes. Adaptado de <http://www.newscientist.com/data/images/archive/2533/25331501.jpg>.

En la naturaleza se han aislado 16 serotipos diferentes de HA (H1-H16) y 9 de NA (N1-N9), que se mezclan entre sí produciendo 144 combinaciones que circulan en diversas especies de animales (Fouchier *et al.*, 2005). Muchas de estas combinaciones han sido halladas en aves silvestres, aunque algunos serotipos son relativamente raros de encontrar, como es el caso de H8, cuyos hallazgos son poco frecuentes y casi siempre combinado con N4 (Fouchier *et al.*, 2009).

La HA y NA se utilizan para clasificar los diferentes subtipos de la influenza aviar A. Desde 1980, un virus influenza se designa en función del tipo, del hospedador, del lugar de aislamiento, del número de orden que corresponde en el laboratorio de aislamiento, del año y del subtipo HN (Quinn *et al.*, 2001). Por ejemplo, el virus "A/ck/Israelí/1055/2008(H5N1)" se interpreta como: Un virus influenza de tipo A, procedente de un pollo (*chicken*) que ha sido aislado en Israel, coincidente con el número de brote 1055 del año 2008. El subtipo es H5N1, lo que indica el tipo de hemaglutinina (H5) y de neuraminidasa (N1).

Todos los subtipos identificados hasta ahora son capaces de infectar a las aves, aunque el grado de enfermedad que producen en ellas es muy variable, pudiendo ir desde procesos asintomático a enfermedades respiratorias o sistémicas con un 100% de mortalidad (Pantin-Jackwood y Swayne, 2009). Los subtipos, en función de su patogenicidad en pollos, se clasifican en dos patotipos (Swayne y Suarez., 2000):

**Subtipos de alta patogenicidad (AP):** Producen una enfermedad sistémica, por lo general letal en pavos y pollos, que la OIE incluye en la lista de enfermedades infecciosas de declaración obligatoria. En este apartado se incluyen también los virus con un índice de patogenicidad intravenosa (IPI) superior a 1,2 en pollitos de 6 semanas o una

letalidad del 75% o superior en pollos (*Gallus domesticus*) de 4-8 semanas por vía intravenosa. Se consideran igualmente AP, los subtipos H5 y H7 con valores de IPI y mortalidad inferior a los anteriores, pero en los que se identifique la presencia de series múltiples de aminoácidos básicos en el punto de escisión de la HA y, en general, cualquier tipo de virus de influenza que sea capaz de crecer en cultivos celulares en ausencia de tripsina (OIE, 2008). Estos virus han sido restringidos a los subtipos H5 y H7, aunque no todos los virus de estos subtipos causan IAAP (Yee *et al.*, 2009).

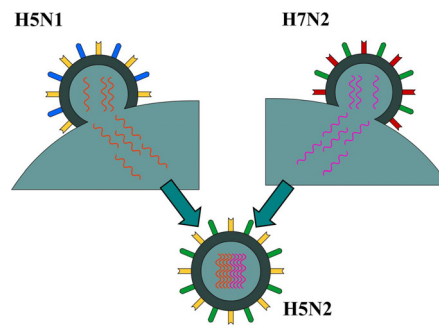
**Subtipos de baja patogenicidad (BP):** Pueden cursar con una sintomatología inaparente o con una enfermedad respiratoria, pero siempre con una baja mortalidad.

Desde el punto de vista epidemiológico, es importante destacar que los virus de baja patogenicidad pueden convertirse en virus de alta patogenicidad. Por ello, la vigilancia de la presencia de los subtipos H5 y H7 en aves domésticas es fundamental, ya que se ha observado que tienen mayor facilidad para pasar de baja a alta patogenicidad (EFSA, 2008). Ambos subtipos son de declaración obligatoria sean de alta o baja patogenicidad.

Los virus influenza tienen una gran facilidad para experimentar dos tipos de variaciones genéticas que tienen una gran repercusión desde el punto de vista epidemiológico y patogénico, y son las siguientes:

**Mutaciones puntuales o deriva antigénica (*antigenic drift*),** originada por una alta tasa de mutación durante el proceso de replicación. Esto se debe a la facilidad de generar errores de las ARN polimerasas, que además no poseen capacidad autocorrectora. Esto se puede traducir en que al cabo de un tiempo, la cepa original puede ser reemplazada por otra antigénicamente diferente. Este fenómeno es responsable de epidemias esporádicas y de las pequeñas variaciones en las cepas circulantes, que obligan a variar la composición de las vacunas de gripe en personas cada año (Pérez-Breña y Casas, 2004).

**El cambio antigénico (*antigenic shift*),** es el intercambio o recombinación de segmentos génicos entre dos virus diferentes, de igual o distinta especies, que infectan una misma célula para dar lugar a otro virus diferente de los parentales (Pérez-Breña y Casas, 2004). Este proceso se denomina cambio antigénico y es el responsable de las pandemias históricas de gripe sucedidas en personas, debido a la carencia de inmunidad específica para el virus (Figura 16).



**Figura 16. Esquema de cambio antigénico entre 2 subtipos diferentes.**  
Elaboración propia adaptada del esquema disponible en <http://library.thinkquest.org/05aug/01479/virus4.html>.

Como se ha descrito, los virus influenza tienen una gran variabilidad antigénica que les permite por un lado “despistar” a los sistemas inmunológicos de los organismos infectados, y por otro adaptarse, con una facilidad superior a la de otros virus, a nuevos individuos e incluso a nuevas especies.

## 2.2. B. Transmisión:

La transmisión del virus de la IA entre las aves varía con la patogenicidad de la cepa, la susceptibilidad de las especie aviar, la edad del individuo afectado, el medio en el que se encuentran y la presencia de infecciones secundarias (Swayne y Suárez, 2000; Alexander *et al.*, 2007). La transmisión de los virus IA se puede dividir en directa, a través del contacto entre animales, y en indirecta, a través de fómites (camiones, pienso, personal de las granjas), aguas contaminadas, y/o en menor medida a través del aire (EFSA, 2008).

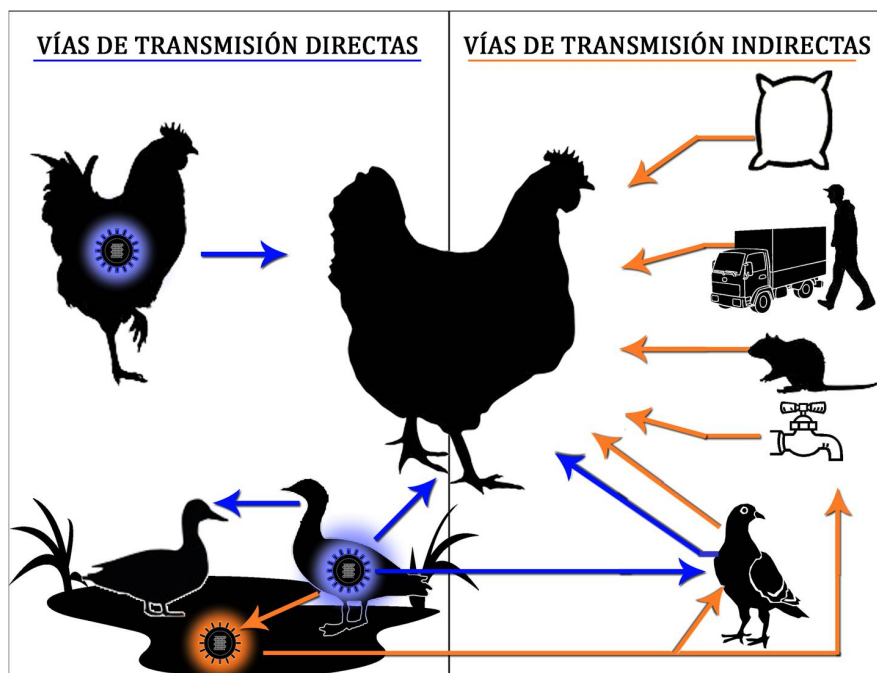


Figura 17. Esquema de las vías de transmisión directas (en azul) e indirectas (en naranja) más comunes del virus IAAP. Elaboración propia.

La transmisión directa tiene lugar a través del contacto directo con aves infectadas. Las vías de contagio más importantes son la fecal-oral y la vía respiratoria. La vía conjuntival también ha sido reconocida, aunque no es la habitual (EFSA, 2008). La replicación del virus en el caso de la IA, ocurre principalmente en el intestino. Este hecho hace que liberen gran cantidad de virus en heces, considerándose la vía fecal-oral fundamental en la difusión de la IA (Horimoto y Kawaoka, 2001). Sin embargo, en el caso del subtipo de IAAP H5N1, diversos estudios experimentales en especies domésticas y silvestres, han identificado la vía respiratoria como la más importante (Perkins y Swayne 2001; Sturm-Ramírez *et al.* 2004 y 2005; Antarasena *et al.* 2007, Keawcharoen *et al.*, 2008). La importancia de la excreción traqueal hace pensar que la transmisión por aerosoles puede verse favorecida, sin embargo, en los diferentes brotes ocurridos de los subtipos H5 y H7 AP en aves domésticas en Europa, no ha podido evidenciarse que los aerosoles hayan tenido un papel transmisor importante, salvo en la epidemia de H7N7 AP en Holanda donde Landman y Schrier (2004) sugirieron esta vía como posible causante de la difusión entre granjas muy cercanas.

En la **Tabla 5** se muestran los resultados, de diversos estudios científicos, que determinan en función de la vía de eliminación la cantidad excretada de virus H5N1 AP. Se puede observar que la excreción orofaríngea libera mayor cantidad de virus en diferentes especies de gansos, patos, cisnes silvestres y que sin embargo esta diferencia parece ser menos significativa en las especies domesticas. A parte de altos títulos de excreción viral, también podemos observar que estos pueden ser muy prolongados en el tiempo, oscilando entre 2-14 días después de la infección llegando a máximos de 17-28 días en patos de la especie *Anas platyrhynchos* (Hinshaw *et al.*, 1980; Hulse-Post *et al.*, 2005, Stallknecht y Brown, 2009).

**La transmisión indirecta** en las aves de corral se produce a través del movimiento del material (jaulas, fómites, vehículos, etc.), personas o animales contaminados con las heces de las aves infectadas o bien a través del agua de bebida o comida contaminadas (Capua y Marangon, 2000; Senne *et al.*, 2006). La transmisión indirecta entre aves silvestres acuáticas, consideradas los reservorios naturales en el caso de la IAAP (Boyce *et al.*, 2009), tiene lugar en el medio acuático en el que viven. El agua contaminada es un importante vector que facilita la transmisión a través de las heces y secreciones respiratorias eliminadas en ella. Por ello los humedales, al ser lugares de grandes concentraciones de aves acuáticas, juegan un papel fundamental en la transmisión del virus de la IA ya que el nivel de infección en aguas es más elevado (sobre todo en épocas reproductoras y en los lugares donde se efectúan las paradas durante la migración) (Fouchier y Kuiken, 2008; Roche *et al.*, 2008).

**La transmisión indirecta** de aves silvestres a aves domésticas a través del agua contaminada utilizada en explotaciones avícolas sin tratar previamente, supone un factor importante de riesgo en la difusión de la enfermedad (Stallknecht y Brown, 2009), siendo incluso utilizada con éxito como una fuente de toma de muestras en los estudios de vigilancia de H9N2 en Hong Kong (Leung *et al.*, 2007).

**La transmisión a través de vectores**, no ha sido considerada de importancia, sin embargo, Barbazan *et al* 2008 describe la detección mediante PCR, del virus H5N1 IAAP en mosquitos (*Culex tritaeniorhynchus*). Aunque la transmisión a través de su picadura no está reconocida, la vigilancia de estos mosquitos, que ya se realiza de manera habitual para otras enfermedades, podría ayudar a detectar de manera precoz zonas con aves silvestres infectadas.

Excreción de virus H5N1 en diferentes especies DOMESTICAS Y SILVESTRES					
Especies Domesticas	Excreción respiratoria (Log 10-EID 50/ml)	Excreción fecal (Log 10-EID 50/ml)	Signos clínicos (días)	Tiempo de excreción (con virus)	Referencia
Pato ( <i>Tadorna spp.</i> )	2-4,3	2-4,3	Muerte (TMD)	3-5 días	Chen et al., 2004
Pato doméstico ( <i>Anas platyrhynchos domesticus</i> )			3,3-8,7 días	28 días	Hinshaw et al., 1980; Saliknecht y Brown, 2009
Pato doméstico ( <i>Anas platyrhynchos domesticus</i> )	3-6	2,2-4,4	1-11 días	5-6 días	Sturm-Ramírez et al. 2004
Pato doméstico ( <i>Anas platyrhynchos domesticus</i> )	0-6,5	3-4,75	4 días	3-5 días	Sturm-Ramírez et al. 2005
Pato doméstico ( <i>Anas platyrhynchos domesticus</i> )	4,7		14 días	3-14 días	Kishida et al., 2005
Pato doméstico ( <i>Anas platyrhynchos domesticus</i> )	2,2-3,5	3,2-3,6	4,8-6 Mlt 75%		Saito et al., 2008
Pollos ( <i>Gallus gallus</i> )			2,3 Mlt 100%		
Codornices ( <i>Coturnix spp.</i> )	<101,3-102,9 EID50/ml	<101,2 EID50/ml	1-3,4 Mlt : 50-62,5%		
Pato doméstico ( <i>Anas platyrhynchos domesticus</i> )	4,1	3,6	3	3-5 días	Zhou et al., 2006
Ganso doméstico ( <i>Anser anser domesticus</i> )	>6	4,5	8-10	3-8 días	Zhou et al., 2006
Pollos de raza White Leghorn ( <i>Gallus gallus</i> )	5,56	5,93	10,4 máx. 20d	3 días	Zhou et al., 2006
Pollo ( <i>Gallus gallus</i> )	8-8,6	8-8,86	3 días		Bai et al., 2005
Ganso ( <i>Anser anser domesticus</i> )	1,8	2,4			Perkins y Swayne 2002
Especies Silvestres	Excreción respiratoria	Excreción fecal	Signos clínicos y/o muerte	Tiempo de excreción (con virus)	Referencia
Cisne común ( <i>Cygnus olor</i> )	A 3,3	A 1,3	A (5-9 días)	A (6 días)	Kathoff et al. 2008
Alta (A) y baja (B) dosis			B (8-14 días máx. 21 días)	B (6 días)	
Cisne negro ( <i>Cygnus atratus</i> )	6,46	4,94		2-3 días traqueal 1-2 cloacal	Brown et al., 2008a
Cisne trompetero ( <i>Cygnus buccinator</i> )	6,14	3,18		4-6 días traqueal 2-5 cloacal	
Cisne cantor ( <i>Cygnus cygnus</i> )	6,30	4,25		2-3 días traqueal 1-2 cloacal	
Cisne común ( <i>Cygnus olor</i> )	5,58	4,46		3-7 días traqueal 3-4 cloacal	
Barnacla Hutchins ( <i>Branta hutchinsii</i> )	5,25	3,05	3,5 días (1,67-4-9 días)	4-6 días traqueal 2-5 cloacal	
Ganso indico ( <i>Anser indicus</i> )	5,10	2,55	3,3 días (6 días)	5-8 días traqueal 0-7 cloacal	
Ánade azulón ( <i>Anas platyrhynchos</i> )	Máx. 3,2 8/8 individuos	0/8 individuos	No	1-4 días	Keawcharoen et al., 2008
Cerceta común ( <i>Anas crecca</i> )	Máx.: 1,1 3/8 individuos	1/8 individuos	No	1-3 días	
Ánade silbón ( <i>Anas penelope</i> )	Máx.: 1,3 4/8 individuos	0/8 individuos	No	1-2 días	
Ánade friso ( <i>Anas strepera</i> )	Máx.: 2,1 7/8 individuos	0/8 individuos	No	1-4 días	
Porcón común ( <i>Aythya ferina</i> )	Máx.: 3,2 7/8 individuos	2/8 individuos	3-4 dpi	1-5 días	
Porcón moñudo ( <i>Aythya fuligula</i> )	Máx.: 2,8 6/8 individuos	0/8 individuos	3-4 dpi	1-4 días	
Ánade azulón ( <i>Anas platyrhynchos</i> )	2,1	1		1-2 días traqueal 1 día cloacal	Brown et al., 2006
Ánade rabudo ( <i>Anas acuta</i> )	1,1-1,5	1		1-2 días traqueal; 1 cloacal	
Pato joyuyo ( <i>Aix sponsa</i> )	4,6-5		66%	4-7 días traqueal; 2,3-4,5 días cloacal	
Cerceta común ( <i>Anas crecca</i> )	2-3,8	1	Mlt 33-6%	1,2-2 días traqueal; 1 día cloacal	
Porcón americano ( <i>Aythya americana</i> )	2,8-4	1,2-2,8		1-4 días traqueal; 1 día cloacal	
Gaviota reidora americana ( <i>Larus atricilla</i> )	4,2-5	2-2,6	100%	6-10 días traqueal; 3-7 días cloacal	
Gaviota argénteo ( <i>Argentatus</i> )	3,89-4,47	1,96-2,38	Mlt: 66%	4-5 días traqueal 2,3-5 d cloacal	Swayne 2007
Cuervo americano ( <i>Corvus brachyrhynchos</i> )	4	2			Brown et al., 2008b
Gorrón común ( <i>Passer domesticus</i> )	2,4	1,7			Boon et al., 2007
Estornino pinto ( <i>Sturnus vulgaris</i> )	3,8	0,8			
Paloma Carneau ( <i>Columba spp.</i> )	<1	<1			
Gaviota reidora americana ( <i>Larus atricilla</i> )	< 10 <sup>1,7</sup> EID50				Perkins y Swayne 2002
Ánade azulón ( <i>Anas platyrhynchos</i> )				7-17 días. Excreción traqueal > cloacal	Hulse-Paste et al 2005

Tabla 5. Revisión de estudios de excreción respiratoria y fecal del virus en aves domésticas y silvestres comparando los tiempos de excreción y los signos clínicos. Elaboración propia a partir de datos bibliográficos.

Las variables de transmisión conocidas y de mayor importancia son:

**El periodo infeccioso**, desde un punto de vista epidemiológico ha sido considerado de 8-13 días en aves domésticas (Stegeman *et al.*, 2004).

**El periodo de latencia** de los virus IAAP en pollos no vacunados es corto, oscilando entre 0,24 (Bouma *et al.*, 2009) y 2 días en otras especies de aves domésticas (Van der Goot *et al.*, 2003; Swayne y Beck, 2005; Tian *et al.*, 2005; Gao *et al.* 2006; Sharkey *et al.*, 2008)

**El periodo de incubación** es similar al de latencia. En aves infectadas naturalmente puede ser muy corto, 24 a 36 horas. Dependiendo de la virulencia del agente y de la susceptibilidad del hospedador, puede llegar hasta 14 días. Desde el punto de vista epidemiológico suele ser común asumir un promedio de 7 días para este parámetro (Ward *et al.*, 2009a, Iglesias *et al.*, 2010b).

**El periodo de contagio** del virus en pollos no vacunados oscila entre 0,5 y 2,1 días según diferentes autores (Sharkey *et al.*, 2008 y Bouma *et al.*, 2009 respectivamente).

**La tasa de reproducción ( $R_0$ )** se ha estimado de manera experimental oscilando entre 3,4 y 9 en función de las dosis inoculadas del virus (Bouma *et al.*, 2009). La  $R_0$  observada en un brote real de IAAP en aves domésticas en Holanda fue de 3,1-9,9 antes de la notificación y de 0,6-1,9 después de la notificación, cuando se implantaron medidas de control (Stegeman *et al.*, 2004). La estimación de la  $R_0$  en aves silvestres, durante los brotes de H5N1AP en Europa, fue de 1.7 (1.1-3.4) (Iglesias *et al.*, 2010c)



## 2.2. C. Supervivencia del virus fuera del hospedador

---

Una vez que el virus es eliminado, su supervivencia y capacidad infectiva dependerán del medio en que se encuentre, la cepa del virus, su origen, etc. En términos generales, los virus influenza son inactivados con facilidad por los desinfectantes de uso ganadero habitual. En concreto, los agentes oxidantes, el dodecil sulfato de sodio, los disolventes de lípidos, la beta propolactona y los detergentes han resultado ser eficaces frente al virus de la influenza aviar (Benedictis *et al.*, 2007). Las características fisicoquímicas adversas como las altas temperaturas, el pH bajo, o las condiciones de sequedad también inactivan los virus. En condiciones medioambientales favorables, los virus IA pueden permanecer activos mucho tiempo, por lo que el medio ambiente mantiene el riesgo de transmisión entre muchos hospedadores distintos, en animales silvestres y en domésticos (Stallknecht y Brown, 2009). Protegidos por heces u otras sustancias orgánicas, o bien en medios acuáticos, los virus pueden prolongar su supervivencia. De hecho, su supervivencia en humedales es considerada la causa de las reinfecciones anuales en algunas especies silvestres acuáticas (Webster, 1992, Okazaki *et al.*, 2000). En las aves domésticas la supervivencia del virus en las heces ayuda de manera muy importante a la difusión de la enfermedad entre las naves de una misma granja o entre explotaciones.

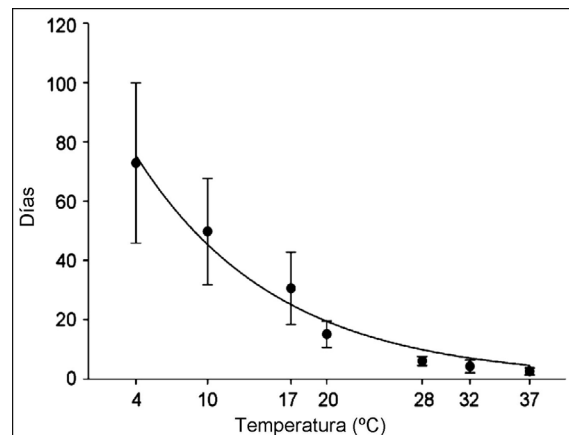
### 2.2.C.1. Supervivencia del virus en el medio acuático:

---

Los virus excretados al agua por las aves acuáticas infectadas a través de las heces o secreciones orales, pueden permanecer infecciosos en el medio acuático durante mucho tiempo. Los virus IA han sido aislados en la superficie de diversos lagos y humedales de Norteamérica (Alberta en Canadá, Minnesota y Alaska en USA) (Hinshaw *et al.*, 1979; Halvorson *et al.*, 1985; Ito *et al.*, 1995) y norte de Eurasia, donde se han encontrado altos títulos de virus, observándose su supervivencia y viabilidad de un año a otro durante los periodos de ausencia de las aves silvestres (Okazaki *et al.*, 2000). En algunos de estos casos, los virus fueron aislados de la muestra de agua analizada, sin necesidad de concentración (Stallknecht y Brown, 2009). La supervivencia del virus en el agua depende en gran medida de la temperatura, siendo más prolongada en condiciones de baja temperatura. Por ello, se ha sugerido la hipótesis de que los lagos helados pueden ser el origen anual de la enfermedad, al mantenerse el virus activos en ellos (Webster, 1992).

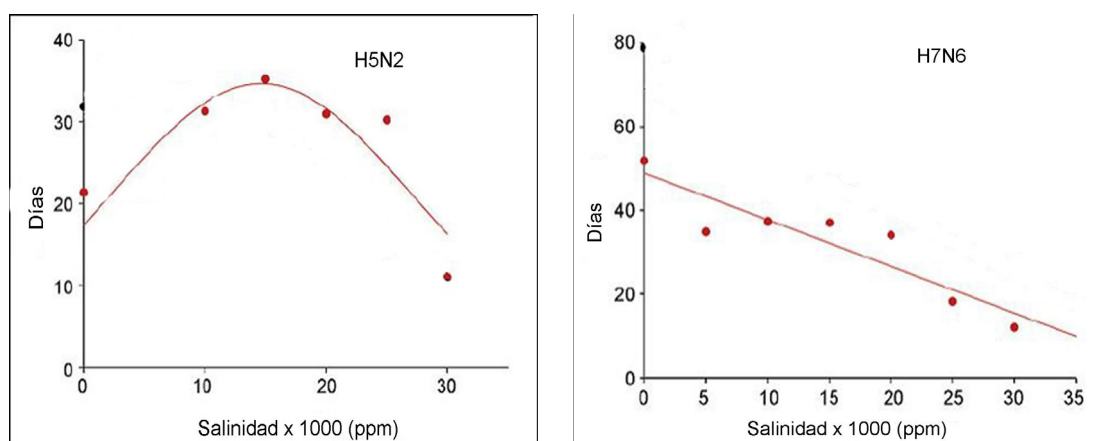
Los parámetros medioambientales más influyentes en la supervivencia del virus en el agua son:

**Temperatura:** La persistencia e infectividad del virus en agua están ligadas a la temperatura de manera inversamente proporcional siguiendo una función exponencial negativa, con variaciones mínimas a partir de 28° (Brown *et al.*, 2007; Brown *et al.*, 2009) (Figura 18).



**Figura 18.** Persistencia de VIA en agua en un estudio realizado en 12 serotipos diferentes, en un rango de temperaturas entre 4-37°C. Adaptado de Brown *et al.*, 2009.

**Salinidad:** En general los virus IA son más estables a bajas salinidades, en aguas dulces y salobres, con salinidades comprendidas entre 0 y 15.000 ppm (partes por millón) de cloruro sódico. El incremento de la salinidad tiene efectos negativos en la supervivencia del virus a partir de salinidades superiores a 25.000 ppm, es decir aguas hipersalinas y agua de mar. Sin embargo, existen variaciones de la supervivencia en función de los subtipos, observándose en los tipos H5 y H7 mayores persistencias en salinidades de 15.000 ppm., como se puede ver en la **Figura 19** (Brown *et al.*, 2009).



**Figura 19.** Persistencia de VIA en agua a 17°C y a un pH= 7.2. La gráfica de la izquierda corresponde a un virus H5N2 ajustado a una función Gaussiana ( $f = 34.61 \exp. (-0.5((x - 14.65)/12.49)^2)$  ( $R^2 = 0.79$ )) y la gráfica de la derecha corresponde a un virus H7N6 ajustado a una función lineal logarítmica ( $f = -1.48x + 69.16$  ( $R^2 = 0.80$ )). Adaptado de Brown *et al.*, 2009.

**pH:** El pH afecta fundamentalmente a la infectividad, siendo esta muy inferior por debajo de 6,5. La mayoría de los virus de lalA son más estables entre un pH 7,4-8,2 (Stallknecht y Brown, 2009).

Estos resultados sugieren que incluso las fluctuaciones naturales de la temperatura, y la salinidad en los niveles a los que normalmente se encuentran en un hábitat acuático natural, puede aumentar o disminuir la persistencia del virus en el medio ambiente y su potencial de transmisión.

### 2.2.C.2. Supervivencia en medios no acuáticos:

---

La supervivencia y la capacidad de infección del virus en el medio depende en gran medida de las siguientes condiciones ambientales (EFSA, 2008):

**Temperatura:** La mayor parte de las cepas de los virus de la IA son muy sensibles a las temperaturas altas, siendo la supervivencia del virus inversamente proporcional al aumento de temperatura. Sin embargo, hay que tener en cuenta que la inactivación por calor puede estar disminuida por la presencia del material orgánico que protege al virus.

**pH:** Los virus de la IA son sensibles a pH ácidos, existiendo variaciones según el grado de acidez y el subtipo que se esté observando (Benedictis *et al.*, 2007). La mayoría de ellos alcanzan su mayor estabilidad en pHs comprendidos entre 7,4 - 8,2 (Stallknecht y Brown, 2009).

**Exposición a la radiación solar:** La supervivencia del virus es inversamente proporcional a las horas de exposición solar. En el estudio realizado por Songserm *et al.* (2006) se observó la estabilidad del subtipo H5N1 de AP en heces de pollo en diferentes condiciones ambientales, concluyendo que el virus se inactiva totalmente a los 30 minutos después de la exposición directa a la luz solar a una temperatura ambiental de 32-35°C, pero que conservaba su infecciosidad tras 4 días a la sombra a 25-32°C.

**Humedad:** Las condiciones de sequedad no parecen ser favorables para la supervivencia del virus, aunque por otro lado, la baja humedad relativa favorecería una potencial transmisión por aerosoles. Sin embargo, todavía no se han realizado estudios suficientes para poder determinar los tiempos de supervivencia con respecto a estos factores (Stallknecht y Brown, 2009).

Además de las condiciones ambientales, las diferentes superficies y medios en los que se puede encontrar el virus, influyen de manera decisiva en la permanencia del mismo en el medio ambiente, ya que la supervivencia del virus varía en función de las secreciones que los protegen o de las características de los tejidos en los que se encuentran (Beato *et al.*, 2009). Los siguientes medios son los más significativos a la hora de analizar materiales importantes en la difusión del virus en explotaciones avícolas:

**Supervivencia en heces:** La supervivencia e infectividad del virus en heces es más prolongada que al aire libre, gracias a la protección de la materia orgánica (Beato *et al.*, 2009). Por ello, las heces son consideradas el fómite de mayor riesgo en aves domésticas en cuanto a la difusión del virus mediante transferencia mecánica (Stallknecht y Brown, 2009). En la **Tabla 6** se pueden observar diferentes datos de supervivencia de virus H5 y H7 en heces que muestran la disminución de la supervivencia y la infectividad con el aumento de la temperatura.

Cepa viral	Medio	Temperatura °C	Infectividad	Supervivencia (días)	Referencia
H5N2	Heces en el suelo	4°	Si	30-35	Beard <i>et al.</i> , 1984
H5N2	Heces en el suelo	20°	Si	7	Beard <i>et al.</i> , 1984
H5N2	Heces pollo	Ambiente	Si	105	Fitchner, 1987
H5N2	Heces pollo		Si	44	Utterback, 1984
H7N2	Heces pollo	4°	Si	23	Lu <i>et al.</i> , 2003
H7N2	Heces pollo	Ambiente	No (desde día 23)	19	Lu <i>et al.</i> , 2003
H7N2	Heces pollo	37°	No (desde día 16)	14	Lu <i>et al.</i> , 2003
H5N1	Heces pollo	25-32 (a la sombra)		4 días;	Songserm <i>et al.</i> , 2006
H5N1	Heces pollo	32-35 (al sol)		30 minutos	Songserm <i>et al.</i> , 2006

**Tabla 6.** Supervivencia de diferentes cepas de IA H5 y H7 a diferentes temperaturas y en diferentes medios.

**Supervivencia en productos animales:** cadáveres, carne fresca, huevos y otros.

**Cadáveres:** La carga viral en tejidos de especies infectadas altamente susceptibles, puede llegar a exceder 108 EID<sub>50</sub>/gramo (EFSA, 2008). Los cadáveres de animales infectados, representan una potencial fuente de difusión de la enfermedad en aves domésticas. El compostaje de los cadáveres reduce considerablemente la estabilidad del virus (Wilkinson, 2007). Las temperaturas superiores a 60-65 ° producen la inactivación viral en un plazo máximo de 5 minutos.

**Carne fresca:** El tratamiento de la carne inmediatamente después del sacrificio, influye significativamente en la supervivencia del virus, ya que la acidificación *postmortem* de la carne puede llegar a inactivar el virus. Sin embargo, la carne congelada rápidamente tras el sacrificio no sufre ese ligero proceso de acidificación teniendo más riesgo de estar contaminada, además del riesgo adicional de una mayor supervivencia del virus a bajas temperaturas (**Tabla 7**) (EFSA, 2008). Los virus IAAP aislados en los tejidos musculares de aves de corral sacrificadas durante una infección muestran que pueden contener virus suficiente para infectar otras aves que consumieran accidentalmente esta carne sin estar tratada (Swayne y Beck, 2004).

Medio	Cepa	Temperatura °C	Supervivencia	Referencia
Huevo entero	H7N2 LP H5N2 LP	60-70	94-210 segundos	OIE, 2010c
Claras		55,6 - 56,7	256seg – 228 seg.	OIE, 2010c
10% Yema salada		62,2 - 63,3	Menos 138 seg.	OIE, 2010c
Huevo deshidratados	H7N2 LP H5N2 LP	54,4 67	15,21 días 0,6 días	Swayne y Beck, 2005;
Carne	H5N1 AP	70 (Cocción)	180 seg.	Songserm <i>et al.</i> , 2006
Carcasa pollo		4 (Refrigeración)	23 días	OIE, 2010c
Carcasa pollo	AP	60-65°	300 seg.	EFSA, 2008
Fluido alantoideo		33-35°	30 minutos	Songserm <i>et al.</i> , 2006

**Tabla 7.** Tiempo de supervivencia de virus IA en diferentes alimentos. Datos de EFSA 2008.

**Huevos:** Los huevos de consumo procedentes de aves de corral infectadas por IAAP representan un riesgo potencial para la propagación del virus (EFSA, 2008). Cuando el virus está protegido por proteína seca, por ejemplo en el huevo deshidratado, la persistencia puede aumentar considerablemente (EFSA, 2008). Los huevos, pueden contener virus IAAP tanto en el exterior (cáscara), en el caso de haber estado en contacto con heces infectadas; como en el interior (clara y yema) de los huevos puestos por gallinas infectadas (EFSA, 2008). Se ha demostrado la presencia de virus H5N9 AP en huevos, 3-4 días después de la infección con títulos de hasta 104,9 EID50 por ml. de ovoproducto (Swayne y Beck, 2005).

**Otros:** En otros productos o subproductos aviares como hígado, plumas, sangre y piel, en diferentes especies domésticas, también han sido aislados virus IAAP tanto en casos experimentales como de campo (Beato *et al.*, 2009).

**Supervivencia en materiales de embalaje y bandejas:** Los materiales de embalaje y bandejas contaminados representan un alto riesgo, que puede ser disminuido con una buena desinfección rutinaria. El resto de los subproductos, siempre que sean tratados conforme a la legislación de la UE, tienen un riesgo insignificante. (EFSA, 2008).

## **2.2. D. Patogenicidad y sintomatología: Diferencias entre especies**

---

El virus de la IA varía mucho en su patogenicidad en función de la especie y cepa vírica, no presenta una sintomatología patognomónica. Los síntomas varían desde infecciones subclínicas asintomáticas hasta la muerte súbita. Los cuadros intermedios son de sintomatología respiratoria, nerviosa, digestiva, cuadros de decaimiento y disminución de la puesta. Los signos respiratorios son tos, estertores traqueales y bronquiales, disnea y conjuntivitis. Los digestivos son enteritis con hemorragias petequiales y equimóticas con una intensa diarrea de color verde. En algunos casos, se observa un cuadro neurológico, que consiste en incoordinación, ataxia, y parálisis con opistótonos y epistótonos. Algunos signos usualmente reveladores de la infección son tortícolis y las contracciones tónico-clónicas. La mortalidad varía del 50 al 100%. Los signos son compatibles con otras enfermedades infecciosas aviares, como son la enfermedad de Newcastle, laringotraqueitis aviar, pastereiosis y rinotraqueitis aviar (MARM, 2007).

En general, el proceso infeccioso se inicia con la inhalación o ingestión de los viriones infectivos. A continuación ocurre la colonización de las vías respiratorias altas. En particular, la penetración ocurre por la mucosa nasal y la faringe, o bien, por las células epiteliales de la mucosa intestinal del aparato digestivo. El período de incubación de los virus de la IA en aves infectadas naturalmente puede ser muy corto de 24 a 36 horas, aunque dependiendo de la virulencia del agente y de la susceptibilidad del hospedador puede llegar hasta 14 días. Desde el punto de vista clínico suele ser común asumir un promedio de 7 días para este parámetro. En las enfermedades aviares, la sintomatología se observa en lotes no en individuos, por ello, enfermedades como la IAAP se observan con rapidez si cursan con el cuadro normal de alta mortalidad, pero pueden pasar desapercibidas en especies poco susceptibles o en cepas menos patógenas.

Debido a las grandes variaciones de la patogenicidad y sintomatología entre especies, a continuación se resumen las características más relevantes en aquellos grupos aviares de mayor importancia para la enfermedad y para este estudio, diferenciando entre familias e incluso entre especie cuando se ha considerado necesario.

### **2.2. D.1. Aves domésticas:**

---

De manera habitual, las infecciones de IABP pueden ir desde asintomáticas a inductoras de lesiones y signos clínicos asociados a patologías en los sistemas respiratorio, digestivo y reproductor (Pantin-Jackwood y Swayne, 2009). Sin embargo, la IAAP en aves domésticas produce índices elevados de morbilidad y mortalidad, así como una enfermedad sistémica con necrosis e inflamación de varios órganos, sistema nervioso, sistema cardiovascular y tegumentos.

Las aves domésticas son todas susceptibles, aunque existen especies de mayor vulnerabilidad, fundamentalmente gallináceas: pollos, pavos, gallinas de Guinea, codornices y perdices. En 2003, Perkin y Swayne definieron 4 grupos de patogenicidad comparando la mortalidad y morbilidad en diferentes especies (**Tabla 8**).

Grupo	Especie	Morbilidad	Mortalidad
1	Pollos, pavos, codornices, perdices, gallinas de Guinea	100%	>75%
2	Gansos, emús	++/+++	<75%
3	Patos	-/+	20-75%
4	Palomas	-	<40%

**Tabla 8. Grupos de patogenicidad de diferentes especies aviares frente a los virus de la influenza aviar determinados por Perkin y Swayne (2003).**

### ***Galliformes o gallináceas: gallinas, pavos, codornices, faisanes y perdices.***

Los virus de la IAAP producen en general un cuadro hiperagudo con una alta mortalidad en un periodo de tiempo corto. Sin embargo, en función de la cepa se pueden producir también cuadros clínicos leves o incluso subagudos. Cuando la enfermedad se presenta de manera hiperaguda, los signos clínicos no llegan a apreciarse ya que la mortalidad es muy rápida y elevada. Sólo en los individuos más resistentes puede observarse una sintomatología de letargo y estado comatoso.

El cuadro general en una granja afectada sería la observación de una disminución de la actividad de los animales, disminuyendo el consumo de agua y comida, antes de que el elevado incremento de la mortalidad sea detectado. En ponedoras la puesta decrece llamativamente en 6 días. Las heces pueden presentar moco o bilis o uratos.

En los casos de un curso clínico subagudo, de 3-10 días, las aves presentan sintomatología nerviosa, lo que puede llevar a confundirla con otras enfermedades de similar cuadro clínico como es la Enfermedad de Newcastle.

El período de excreción del virus se ve limitado por el corto tiempo que transcurre antes de la muerte en la mayoría de las especies (1.5-4.5 días). La mayoría de las gallináceas inician la eliminación del virus dentro de las 12-24 horas post infección.

**Gallinas o pollos (*Gallus spp.*):** Es una de las especies altamente susceptible. La presentación no aguda es poco habitual. Normalmente no llegan a observarse síntomas clínicos por la rápida y elevada mortalidad, con un tiempo medio de muerte (TMM) de 1-5 días obtenido de manera experimental (Pantin-Jackwood y Swayne, 2009). La mortalidad en esta especie es independiente de la edad. Las gallinas ponedoras se consideran de mayor riesgo para la difusión de la IAAP que los pollos (broilers) por el mayor número de contactos comerciales de este tipo de explotaciones frente a las de broilers, no por una mayor susceptibilidad en sí (Thomas *et al.*, 2005; Bouma *et al.*, 2009).

La sintomatología, de apreciarse, puede transcurrir con depresión, disminución de la puesta, plumaje deteriorado, edema de cuello y cabeza, crestas y barbas hinchadas y cianóticas, diarrea, inflamación conjuntival con hemorragias ocasionales, hemorragia difusa en patas, signos respiratorios, descarga oculonasal y signos nerviosos (**Figura 20**).

**Pavos (*Meleagris gallipavo*):** Es junto a los pollos una de las especies de mayor susceptibilidad. Normalmente hay una rápida y elevada mortalidad, del 100% con un TMM de 2-2.5 días, obtenido de manera experimental (Perkins y Swayne, 2001).

En el caso de observarse, los signos clínicos son los mismos que en pollos, depresión, disminución de la puesta, plumaje deteriorado, edema de cuello y cabeza, crestas y barbas hinchadas y cianóticas, diarrea, inflamación conjuntival con hemorragias ocasionales, hemorragia difusa en patas, signos respiratorios, descarga oculonasal y signos nerviosos.

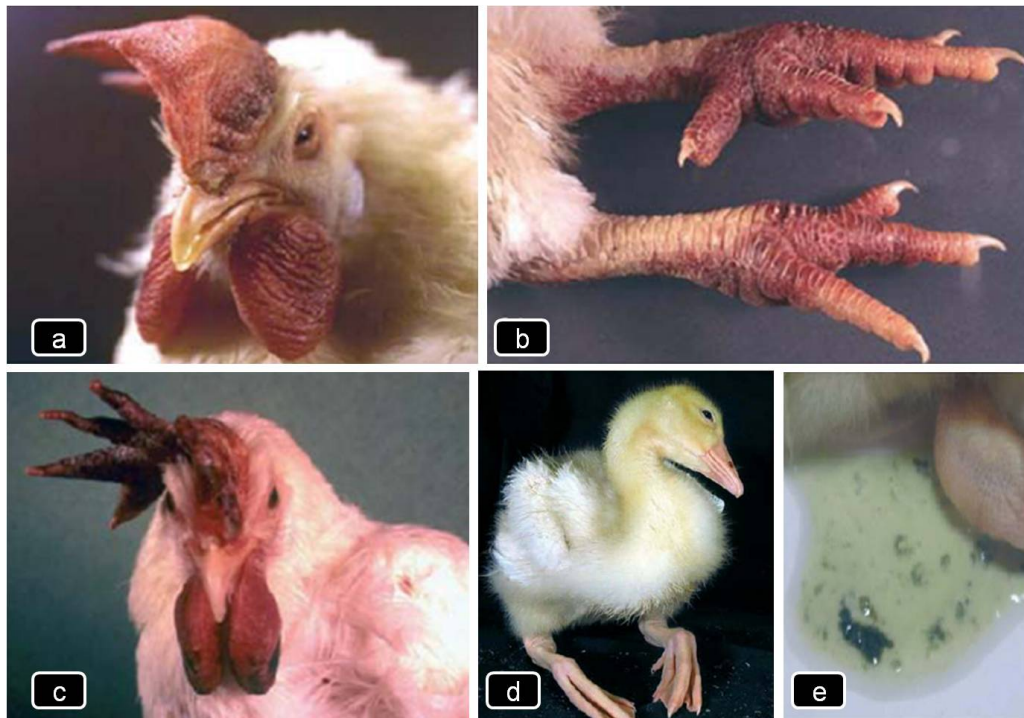


Figura 20. Lesiones en aves domésticas tras la infección experimental de IAAP. Cuadro adaptado de la revisión de Pantin-Jackwood y Swayne (2009). a) Edema de barbilla, cresta y tejido periorbital; b) Edema subcutáneo y en patas; c) Edema y hemorragia de barbillas y cresta; d) Ganso de 2 semanas con torticólis, e) Diarrea con teñido biliar.

**Codornices (*Coturnix coturnix spp.*)** Es una especie considerada susceptible a la infección con una mortalidad que puede oscilar de un 50-62,5% a un 92-100% en función de la dosis y cepa inoculada, con un TMM de 1,3-4,3 días (Perkins y Swayne, 2001; Saito *et al.*, 2008).

La codorniz parece jugar un papel importante en la mutación de los virus y en su facilidad para adaptarse a nuevos hospedadores, actuando como hospedadores intermedios entre patos y pollos (Pérez *et al.*, 2003; Xu *et al.*, 2007). Además, requieren



niveles más exhaustivos que los pollos para detectar la infección (AUSVETPLAN, 2007), por lo tanto, podrían estar implicadas en un incremento de la difusión vírica.

Presentan signos neurológicos, descarga oculonasal, diarrea mucosa y disnea.

**Faisanes (*Phasianus spp.*):** Presentan una mortalidad del 100% de manera experimental, con un TMM de 2,5-4 días y con sintomatología neurológica, descarga oculonasal, diarrea mucosa y disnea.

**Perdices (*Alectoris spp.*):** Dentro de las gallináceas son la especie menos susceptible clínicamente, con una mortalidad del 75% y un TMM de 4-6,5 días (Perkins y Swayne, 2001). Presentan signos neurológicos, descarga oculonasal, diarrea mucosa y disnea.

### **Anseriformes: Patos y gansos**

**Patos (*Anas spp.*):** La mortalidad por IA en patos ha sido poco frecuente hasta 2002, salvo brotes puntuales como en 1999 en Italia donde se observaron casos del subtipo H7N1 AP en pato criollo. Las primeras cepas de H5N1 AP cursaban sólo con una replicación en el aparato respiratorio acompañada de sintomatología nerviosa, pero con una baja morbilidad y mortalidad. De manera experimental, la mayoría de los resultados mostraban replicación del virus con poca o ninguna sintomatología clínica y con una excreción de 2 días postinoculación. La mortalidad de estas cepas alcanzaba un 50-75%, con un TMM de 4,8–6 días (Saito *et al.*, 2009). Este hecho dio lugar a considerar a los patos, junto con los gansos, como las especies domésticas de mayor importancia epidemiológica en cuanto a su capacidad para estar infectados excretando virus, sin presentar sintomatología clínica ni lesiones aparentes, razones que contribuyen a otorgarles el carácter de reservorios potenciales de la enfermedad (Cardona *et al.*, 2009).

Sin embargo, desde 2002, la patogénesis en patos domésticos ha variado, y las cepas Euroasiática y tailandesa de H5N1AP producen en los patos replicación sistémica causándoles la enfermedad y mortalidad en condiciones experimentales. Los individuos jóvenes presentan una mayor mortalidad llegando al 100% en patos de 5 semanas de edad. La sintomatología cursa con fiebre alta, depresión, diarrea, disnea y sintomatología nerviosa (Saito *et al.*, 2009) y se observa una excreción predominantemente respiratoria que comienza 1 día después de la inoculación y puede continuar hasta 10 días. El virus se contagia entre 3-5 días post-inoculación (Cardona *et al.*, 2009). Este suceso modifica la clasificación de patogenicidad inicial elaborado por Perkin y Swayne (2003) (**Tabla 8**), haciendo que el pato doméstico deba estar en el grupo 2 de susceptibilidad clínica. Las observaciones de campo en Vietnam

en patos domésticos infectados con H5N1 AP corroboran los resultados experimentales del incremento de la virulencia de las nuevas cepas en esta especie (Chen *et al.*, 2004).

**Gansos (*Anser spp.*):** Los gansos domésticos en el sur de China han sido la fuente progenitora de la cepa AP H5N1 en 1996 (Sims *et al.*, 2005). Sin embargo, los aislamientos en esta especie han sido menos frecuentes que en pollos y en patos, probablemente debido a su menor importancia en la producción avícola. Su prevalencia en los mercados asiáticos de aves vivas en Vietnam ha llegado a ser del 2% siendo la de patos en los mismos mercados del 4% (Nguyen *et al.*, 2005). La mortalidad es menor del 75% (Team, 2007). La excreción en gansos es de 3-8 días vía oral y cloacal y el TMM experimental es de 10 días con máximos de hasta 20 días (Zhou *et al.*, 2006). Produce lesiones neurológicas, presentando sintomatología nerviosa (Team, 2007) (**Figura 20**).

---

#### **Ratites:**

Las avestruces son algo más resistentes a la enfermedad clínica. Así lo muestran los datos de campo de un brote en Nigeria de una granja con varias especies aviares infectadas con H5N1 AP (Enero del 2006), en la cual la mortalidad fue del 80% en pollos, del 100% en pavos, del 50% en gansos y de sólo el 4% en avestruces. Sólo presentaron decúbito esternal y depresión, aunque en estudios experimentales se han observado signos de disfunción neurológica, hiperexcitabilidad y falta de coordinación 8 días después de la inoculación. La excreción en avestruces es de 2-7 días postinoculación vía traqueal y de 4-5 días vía cloacal (Cardona *et al.*, 2008).

---

#### **Columbiformes:**

Las especies pertenecientes a este orden presentan en general poca susceptibilidad a los virus de la IA. De manera experimental se ha observado baja morbilidad, y una baja mortalidad que oscila entre 0-37% en función de la dosis inoculada (con un TMM de 5 días en los casos de inoculaciones de cepas más virulentas) (Yu *et al.*, 2007), sin mostrar evidencia de replicación viral (Swayne, 2007). Sin embargo, se han notificado casos de mortalidad en palomas de ciudad en áreas donde el virus H5N1 AP estaba muy diseminado. Recientemente, en noviembre del 2009, se ha notificado un caso de H5N1 AP en Rusia en palomas de ciudad (OIE, 2009), lo que hace pensar que el virus continúa circulando de manera intensa en esta zona en aves silvestres.

## 2.2. D.2. Aves silvestres:

---

Las aves acuáticas silvestres son consideradas reservorios naturales de los virus IA y generalmente no desarrollan la enfermedad cuando están infectadas (Horimoto y Kawaoka, 2001) indicando que existe una adecuada evolución y adaptación del virus. Las secuencias de H1 de las aves acuáticas silvestres descritas en 1917, son notablemente similares a las secuencias aviarias modernas de H1, lo que sugiere que ha habido poca deriva en 80 años (Reid *et al.*, 2003). Sin embargo, las cepas de tipo H5 y H7 portan un potencial de mutación a cepas de alta patogenicidad cuando se transmiten y se adaptan a aves de corral como nuevos hospedadores. Las aves no acuáticas pueden ser susceptibles al virus en mayor o menor medida en función de la especie.

Las aves silvestres han desempeñado un importante papel en la difusión de diferentes brotes de IA de alta y baja patogenicidad (Munster *et al.*, 2005; Terregino *et al.*, 2007; EFSA, 2008), actuando como reservorios y transmisores del virus. Por ello, se han desarrollado grandes esfuerzos en la investigación y vigilancia de la epidemiología de la influenza aviar en aves silvestres, orientados a: identificar especies que puedan ser utilizadas como centinela (Keawcharoen *et al.*, 2008), la identificación de factores de riesgo ambientales asociados a la enfermedad (Iglesias *et al.*, 2010d), conocer la implicación de las poblaciones silvestres en los brotes ocurridos en zonas concretas (Ward *et al.*, 2009b) etc...`

En aves silvestres no hay mucha información acerca de la patología que causan las cepas de BP. Se cree que en general son asintomáticas. Los virus replican fundamentalmente en células intestinales y son excretados a través de las heces (Pantin-Jackwood y Swayne, 2009). Las aves acuáticas jóvenes son las más receptivas, observándose, en diversas zonas de cría de aves acuáticas en todo el mundo, un alto porcentaje de pollos infectados en los nacidos en el año y títulos más altos hacia el final del verano, cuando las aves empiezan a abandonar sus áreas de cría. De esta manera se explica que durante las migraciones, llegan nuevas cepas de virus a las áreas de invernada, produciéndose así la difusión del virus entre poblaciones de aves acuáticas, que muchas veces proceden de áreas de cría muy distantes geográficamente (Munster *et al.*, 2005).

Hasta la epidemia de H5N1 AP, los virus de IA de AP no se habían observado nunca en aves silvestres, con la excepción de un brote causado por H5N3 AP que produjo en 1961 una alta mortalidad en charranes comunes (*Sterna hirundo*) en Sudáfrica (Becker, 1966) y los casos de un ánade azulón (*Anas platyrhynchos*) y un cisne común (*Cygnus olor*) encontrados en las proximidades de una granja afectada por H7N7 de AP en la epidemia de Holanda durante 2003 (Philippa *et al.*, 2005). Sin embargo, con el aislamiento de nuevas cepas de H5N1 IAAP en Hong Kong (2002) aparecieron virus AP con capacidad para infectar a las aves silvestres, produciéndoles una sintomatología muy grave o incluso la muerte. Este subtipo ha sido aislado en diferentes especies silvestres de muy diversos ordenes: Anseriformes (anátidas,

gansos y cisnes), Caradriformes (gaviotas y limícolas), Ciconiformes (cigüeñas, garzas y garcetas), Columbiformes (palomas), Falconiformes (águilas, azor, cernícalo, halcones, ratoneros y milanos), Gruiformes (fochas, gallinetas de agua, calamones), Paseriformes (cuervos, urracas, gorriónes, estorninos, pinzones, oropéndolas), Pelecaniformes (pelícanos y cormoranes), Phoenicopteriformes (flamencos), Estrigiformes (búhos), Struthioniformes (avestruces y emús), Psitaciformes (periquitos) y Podicipediformes (somormujos y zampullines) (Pantin-Jackwood y Swayne, 2009).

En aquellos casos en los que ha sido posible, se ha observado sintomatología de apatía, anorexia, debilidad, poca movilidad, falta de equilibrio, plumaje erizado, descarga oculonasal evidente, y diarrea leve antes de morir o bien casos de muertes sin cuadro clínico previo.

La mortandad más grande notificada en aves silvestres tuvo lugar en la primavera del 2005, cuando el 10% de la población mundial de gansos índicos (*Anser indicus*) murieron en el Lago Qinghai en China (EFSA, 2008). Posteriormente hubo varios casos en cisnes en Europa en 2006, aunque también se notificaron brotes en patos silvestres (destacando *Aythya fuligula* y *Aythya ferina*), somormujos, rapaces (fundamentalmente *Buteo buteo* y *Falco peregrinus*), y en menor medida gaviotas, otras acuáticas y algún paseriforme (principalmente córvidos). Los casos esporádicos en Europa durante 2007-2009 han afectado fundamentalmente a patos y somormujos.

### **Anseriformes:**

En **patos silvestres** hay mucha variedad entre especies en cuanto a la patogenicidad de los virus IAAP recientes. En estudios experimentales se ha podido observar que los individuos pertenecientes a la tribu Anatini (como son el ánade azulón y la cerceta, *Anas platyrhynchos* y *Anas crecca* respectivamente) tienen una mayor resistencia y presentan poca sintomatología clínica. Destaca el ánade azulón (**Figura 21**), con una gran excreción del virus y poca o ninguna sintomatología. Esta especie es considerada el principal vector de la enfermedad, tanto por las características de la infección como por su abundancia numérica y su amplísima distribución geográfica.

Los pertenecientes a la tribu Aythyini (como son los porrones, *Aythya fuligula* y *Aythya ferina*) son más susceptibles, presentando sintomatología clínica y una mortalidad superior, con un cuadro nervioso y respiratorio evidente y una alta excreción del virus (Keawcharoen *et al.*, 2008). El pato mandarín (*Aix sponsa*) perteneciente a la tribu Cairinini también presenta sintomatología clínica y una mortalidad superior (33-66%) (Brown *et al.*, 2008).



Figura 21. Imagen de un Ánade azulón o real (*Anas platyrhynchos*).  
Disponible en <http://homepage.mac.com/wildlifeweb/bird/>

**Los gansos silvestres** han mostrado de manera experimental en los individuos de menor edad sintomatología clínica con inapetencia, depresión, diarrea y sintomatología nerviosa. El ganso índico o barrado y la barnacla de Hutchins (*Anser indicus* y *Branta hutchinsii* respectivamente), son consideradas especies más susceptibles y presentan una mayor mortalidad con un TMM de 6-8 días.

**Los cisnes** presentaron una alta susceptibilidad de manera natural al virus H5N1 siendo una de las especies más afectadas durante los brotes de aves silvestres en Europa en 2006, lo que ha hecho que sean consideradas especies centinela (Pantin-Jackwood y Swayne, 2009). Las especies de cisnes más afectadas fueron el cisne común (*Cygnus olor*) y el cisne cantor (*Cygnus cygnus*). La mayoría de ellos fueron hallados muertos y en algunos casos se pudo observar una sintomatología de somnolencia e incoordinación. En cisnes infectados de manera experimental, se ha observado que excreta el virus durante 2-7 días en función de la especie, y que presentan una mortalidad del 100% frente al virus H5N1 AP. El cisne negro (*Cygnus atratus*) es el más susceptible de todos ellos con un TMM de 2,5 días. En el casos del cisne cantor se observó que podía excretar virus 4,5 días antes de presentar sintomatología clínica (Brown et al., 2008).

### **Charadriiformes**

Varias especies de gaviotas y limícolas (*Larus brunnicephalus*, *Larus ichthyaetus*, *Larus ridibundus*) se han visto afectadas de manera natural por H5N1 AP produciéndoles la muerte. Los estudios experimentales realizados en gaviotas, indican que pueden llegar a una alta mortalidad de hasta un 66% y también una alta morbilidad frente al virus H5N1 AP, con una excreción traqueal de 4-10 días postinoculación y una excreción cloacal de 3-7 días. Todos estos parámetros varían mucho en función de la cepa. La sintomatología es de letargo, y

neurológica en los casos más graves (Brown *et al.*, 2006 y 2008). Estos estudios indican que la infección en gaviotas puede producirse por el consumo de carne de pollo infectada, y que potencialmente podrían contribuir a la difusión del virus.

### ***Paseriformes:***

Dentro de la familia de los córvidos, se han observado infecciones de manera natural que han producido la muerte a diferentes especies (urracas, cuervos, grajas) en Asia, Europa y África (OIE, 2009). De manera experimental, se ha observado sintomatología nerviosa y apatía, así como un incremento de la patogenicidad en passeriformes de las cepas más recientes de H5N1 AP comparadas con las anteriores a 2005-2006 (Boon *et al.*, 2007; Forrest *et al.*, 2010).

En gorriones (familia *Passeridae*) se han observado infecciones en campo y de manera experimental. Diferentes estudios muestran mortalidades elevadas del 66–100% en esta especie, con un TMM de 4,2-6,3 días (Boon *et al.*, 2007) y la posibilidad de que se infecten a través del agua contaminada con heces infectadas (Forrest *et al.*, 2010). La infección experimental en estorninos (*Sturnus spp*) (Boon *et al.*, 2007) mostró que eran capaces de excretar virus, sin presentar sintomatología clínica y con una mortalidad nula. Sin embargo, la transmisión observada entre individuos fue muy limitada.

Se considera que ambas especies (**Figura 22**) pueden actuar como “especies puente”, debido a su ubicuidad tanto en zonas ganaderas como en zonas naturales, es decir, podrían participar en la difusión de la enfermedad entre aves domésticas y silvestres, especialmente en las explotaciones de exterior o de baja bioseguridad actuando como hospedadores intermediarios (Artois *et al.*, 2009, Forrest *et al.* 2010). Este riesgo se suma a la potencial transmisión mecánica que pueden ejercer (Veen *et al.*, 2007).



**Figura 22.** Imágenes de un gorrión común (*Passer domesticus*), a la izquierda, y de un estornino negro (*Sturnus unicolor*), a la derecha, especies sinantrópicas habituales en los alrededores de las explotaciones avícolas en España. (Imágenes de Mullarney *et al.*, 2007)

## **2.2. E. Diagnóstico**

---

Como en todas las enfermedades ganaderas, el primer diagnóstico que se realiza en las enfermedades aviares es el diagnóstico clínico en la propia explotación y en el caso de que exista sospecha se continúa en laboratorio. En el caso de la IAAP, debido a su rápida difusión, un diagnóstico rápido es de vital importancia para un control y una erradicación precoces.

### **2.2.E.1. Diagnóstico clínico:**

---

Como hemos visto en el apartado anterior, no existen síntomas patognomónicos de IA. Los signos son compatibles con otras enfermedades infecciosas aviares, como son la enfermedad de Newcastle, laringotraqueítis aviar, pastereiosis y rinotraqueítis aviar, pero la rápida evolución del cuadro clínico y muerte de los animales, puede servir para descartar estas dos últimas (MARM, 2007). Por lo tanto, en el diagnóstico diferencial de la IAAP con otras patologías hay que tener en cuenta aquellas enfermedades que cursan con una alta mortalidad (enfermedad de Newcastle en su presentación velogénica, laringotraqueítis infecciosa, enteritis viral del pato, envenenamiento, etc.) (Sánchez *et al.*, 2006).

La detección precoz de la IAAP es fundamental para prevenir la expansión de la enfermedad y permitir el control y erradicación de los brotes rápidamente. Por ello, en una inspección veterinaria de una explotación en la que se observen signos clínicos de la enfermedad o indicios de la misma como son un aumento de la mortalidad diaria (> 3 veces el índice de mortalidad normal de la explotación), un descenso acentuado de la producción diaria de huevos (> 5 %) o una disminución de la ingesta diaria de piensos o de agua (> 5 %), deberá avisarse con rapidez a los Servicios Veterinarios Oficiales de la Comunidad Autónoma. Los veterinarios oficiales serán los encargados de realizar la comunicación oficial de la sospecha en base a lo dispuesto en el Manual práctico de operaciones frente a la influenza aviar (MARM, 2007). La determinación de una sospecha en una explotación dará lugar a la puesta en marcha de las acciones de comprobación definidas en el Capítulo III de la Directiva 2005/94/CE, que consisten en poner la explotación bajo vigilancia oficial y poner en marcha una investigación, de conformidad con el manual de diagnóstico, para confirmar o descartar la presencia de influenza aviar.

### **2.2.E.2. Diagnóstico de laboratorio**

---

La base principal para el diagnóstico de la enfermedad consiste en la detección directa, esto es la detección del virus infeccioso, del antígeno o bien el material genético específico en las muestras tomadas a las aves de corral u otras aves, y en determinados casos la detección indirecta, mediante la demostración de una respuesta de anticuerpos específicos en muestras de sangre de esas aves. La confirmación de la enfermedad en la explotación será realizada por el Laboratorio Nacional de Referencia, que en España es el Laboratorio Central de Veterinaria (LCV) del MARM en Algete (Madrid). El protocolo del

diagnóstico ha sido publicado mediante la Decisión 2006/437/CE, de 4 de agosto, en el Manual de Diagnóstico de la gripe aviar, conforme a lo dispuesto en la Directiva 2005/94/CE del Consejo, cuyas directrices se han resumido a continuación.

**Pruebas de diagnóstico virológico y evaluación de los resultados:** Las muestras deben tomarse mediante hisopos traqueales/orofaríngeos e hisopos cloacales. En el caso de que procedan de aves muertas, también pueden incluirse muestras de tráquea, pulmón, sacos aéreos, intestino, bazo, riñón, cerebro, hígado y corazón (OIE, 2005).

El primer paso es el *aislamiento del virus en huevos embrionados de aves de corral*. Esta técnica permite detectar la presencia del virus mediante la actividad hemoaglutinante del mismo. La virulencia de los virus de la gripe de tipo A aislados de origen aviar deberá calcularse utilizando la prueba del índice de patogenicidad intravenosa (IPIV), para diferenciar los virus IABP de IAAP, junto con la confirmación de que la cepa clínica es un virus de la gripe A, mediante una *prueba de inmunodifusión doble* para determinar los antígenos de grupo, y posteriormente determinar si la cepa clínica es H5, H7 u otra. Las pruebas *inmunodifusión en gel de agar* (IDGA), pueden reconocer todos los subtipos de la influenza aviar en las aves de corral.

En las aves silvestres, algunas pruebas de aislamiento pueden subestimar la incidencia de la enfermedad, como ha demostrado Saito *et al* (2009) en cuyo estudio, las muestras post mortem de patos infectados experimentalmente con H5N1 AP no mostraban niveles detectables del virus al realizar el aislamiento en huevos.

**Pruebas moleculares y evaluación de los resultados:** Las técnicas convencionales de RT-PCR (reacción en cadena de la polimerasa con retrotranscriptasa) en muestras clínicas dan como resultado una detección y una identificación rápidas del subtipo (al menos de los subtipos H5 y H7). Estas técnicas permiten identificar los virus de la influenza aviar en muestras clínicas, y pueden sustituir el aislamiento del virus en algunos casos. Por ejemplo, se han considerado como técnicas de gran utilidad en la identificación de manera rápida de los focos subsiguientes a un foco primario detectado en el cual ya se ha caracterizado el virus.

Recientemente las técnicas de RT-PCR a tiempo real (rt RT-PCR) se han erigido como el método de elección en muchos laboratorios, debido a la elevada sensibilidad, la posibilidad de cuantificar la carga viral y la rapidez de resultados. Cheung *et al.*, 2009 han desarrollado y evaluado una rt RT-PCR que permite detectar el virus en heces o muestras cloacales en aves silvestres con una alta sensibilidad. Actualmente, gracias a las nuevas técnicas moleculares desarrolladas por Khalenkov *et al.*, 2008 para la detección y aislamiento del virus mediante rt RT-PCR en grandes volúmenes de agua, podría ser posible conocer la importancia de estos hábitats acuáticos en la



supervivencia y transmisión del virus, e incluso utilizarlos como puntos de muestreo rutinarios.

**Detección de antígeno mediante pruebas ELISA:** Las pruebas ELISA, dentro de las cuales encontramos las pruebas de diagnóstico rápido *in situ* (pen side tests), tienen como ventaja principal que pueden demostrar la presencia de IA en 15 minutos. Las desventajas son que presentan una menor sensibilidad, que no se consigue la identificación del subtipo vírico y que es un sistema caro. Desde el año 2008, la OIE recomienda que las pruebas de detección de antígeno sean utilizadas para identificar a la influenza aviar sólo en grupos de aves y no a nivel individual.

Las técnicas de detección de anticuerpos (indirectas) poseen una serie de ventajas y limitaciones. Aunque la mayoría de las aves de corral y otras aves susceptibles mueren antes de desarrollar anticuerpos, la serología puede ser útil para la vigilancia y para demostrar la ausencia de infección. Sin embargo, pueden no haber sido validados para diferentes especies de aves, ya que hasta ahora los ELISAs indirectos detectaban anticuerpos específicos de gallinas y pavos, lo que dificulta la realización de investigaciones serológicas en otras especies (patos y otras aves silvestres). En la actualidad se han desarrollado y evaluado ELISAs de competición que permiten la detección de anticuerpos frente a Influenza A, independientemente de la especie de la que se trate. En las aves silvestres, algunas pruebas serológicas pueden subestimar la prevalencia de las infecciones del virus IAAP (CFSPH, 2010).

### 2.2.E.3. Protocolo de diagnóstico en España:

---

Desde el año 2003 se lleva a cabo en España la vigilancia epidemiológica específica de Influenza Aviar, coordinándose desde la Subdirección General de Sanidad Animal del MARM. La Directiva 2005/94/CE en España, establece las medidas para el control de la IA, la vigilancia en España que tiene lugar en las aves importadas, en aves silvestres, en aves domésticas y en aves sospechosas. El LCV coordina el diagnóstico llevado a cabo en España, de acuerdo, a su vez, con las directrices del Laboratorio Comunitario de Referencia, situado en Weybridge (Reino Unido). Las pruebas serológicas en gallinas y pavos se realizan en los laboratorios de cada CCAA y en caso de resultar positivas se mandan al LCV para su confirmación. Los sueros del resto de especies son analizados directamente en el LCV. Este protocolo se resume en el esquema representado en la Figura 23.

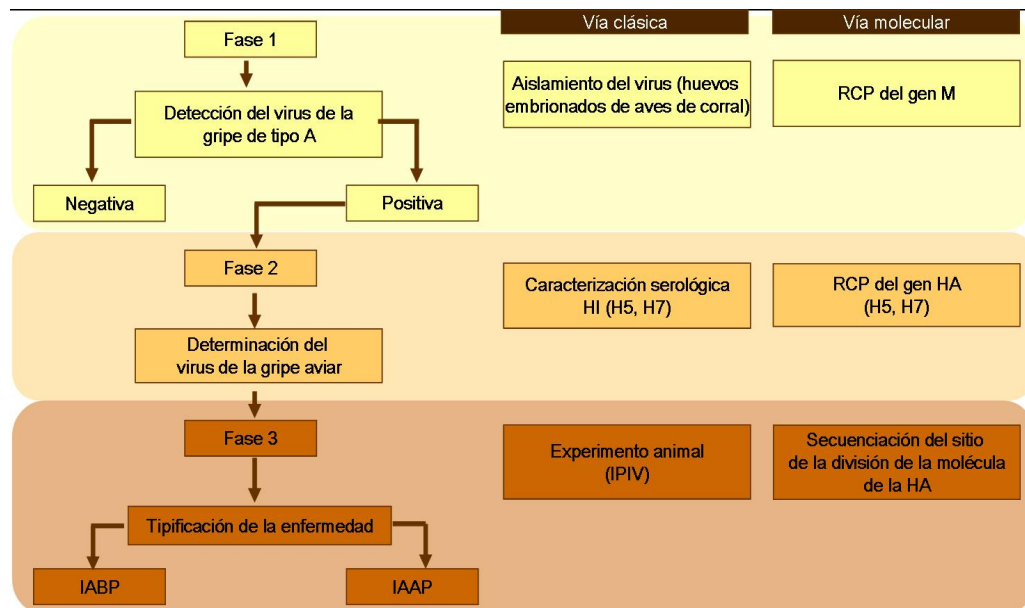


Figura 23. Esquema del protocolo de actuaciones en el diagnóstico de la IA. Elaboración propia mediante la adaptación del esquema del Manual frente a la influenza aviar (MARM, 2007).

Una información más detallada del procedimiento de diagnóstico se puede consultar la Decisión2006/437/CE, de 4 de agosto, por la que se aprueba el manual de diagnóstico de la gripe aviar, conforme a lo dispuesto en la Directiva 2005/94/CE del Consejo. Para los análisis serológicos se emplean técnicas de inhibición de la hemaglutinación, aunque pueden usarse como screening técnicas de ELISA. Como técnica virológica se emplea una PCR genérica a tiempo real, que permite asumir gran número de análisis en muy poco tiempo. En caso positivo, se realiza una PCR específica de H5, N1 y H7, y al mismo tiempo se inocula en embrión de pollo. En el caso de que la PCR específica sea positiva, se procede a la secuenciación mientras se intenta el aislamiento (MARM, 2007).

## 2.3. Antecedentes de la IAAP y planes de control

En este apartado, se han desarrollado brevemente los antecedentes de la evolución de la IAAP, fundamentalmente en Europa, que permiten una mayor comprensión de la evolución epidemiológica de la enfermedad, así como un breve resumen de las medidas de contingencia en España.

### 2.3. A. Evolución histórico-temporal de los virus IAAP

Desde hace años se sabe que muchas especies de aves, silvestres y domésticas, se infectan de manera habitual con virus influenza A (Śmietanka *et al.*, 2005), en su mayoría cepas BP (Khawaja *et al.*, 2005). El primer brote registrado de IAAP se remite al 1878, año en el que los investigadores comenzaron a diferenciar de otras patologías una infección de alta mortalidad en aves domésticas. Actualmente se ha demostrado que los virus IAAP son producto de la mutación de los subtipos H5 o H7 del virus IABP en las aves de corral (Alexander y Brown, 2009).

Entre 1878 y 1958 se registraron, en la mayoría de las regiones del mundo, varias epizootias provocadas por IAAP. En Italia hubo varias series de brotes a lo largo de 1895-1906, y la enfermedad se difundió a otros países europeos, especialmente Alemania y Austria, aunque también se vieron afectados Francia, Bélgica, Dinamarca, Holanda, Polonia y República Checa. En ese momento se comenzó a introducir legislación para la notificación y el control de la enfermedad (Kaleta y Rülke, 2008). En Inglaterra no se notificaron casos hasta 1922 y 1929. En el resto de países de África, Este de Europa y Asia la enfermedad estuvo considerada como exótica (Salvo en Egipto donde era enzoótica) (Petek, 1981). En esta etapa se aisló por primera vez el subtipo H5, en 1959 en Inglaterra (Alexander *et al.*, 2008) y en 1961 en aves silvestres en Sudáfrica (Becker, 1966). Sin embargo, el subtipo de mayor importancia en este período fue el H7. Entre 1959 y 1995, se notificaron mínimo 15 brotes (**Tabla 9**) pero con pérdidas insignificantes. Desde finales del siglo XX se han producido 11 focos de IAAP, cuatro de los cuales han afectado a varios millones de aves (**Tabla 9**), observándose un preocupante aumento de las cepas de alta patogenicidad de Influenza aviar (Alexander y Brown, 2009).

Virus IAAP	Subtipo	Número aproximado de aves afectadas	Difusión
A/chicken/Scotland/59	H5N1 IAAP	Desconocido	1 granja pequeña
A/Tern/S.A./61	H5N3 IAAP	1300 minimo	Charranes árticos silvestres
A/turkey/England/63	H7N3 IAAP	29,000	3 granjas pequeñas
A/turkey/ Bélgica/7732/66	H5N9 IAAP	8,000	Una granja
A/chicken/Victoria/76	H7N7 IABP	58,000	Una granja de pollos y una de patos con H7N7 BP
A/chicken/Germany/79	H7N7 IAAP	Desconocido	Una granja de pollos y una de gansos
A/turkey/England/199/79	H7N7 IAAP	9,000	3 granjas pequeñas
A/chicken/Pennsylvania/1370/83	H5N2 IABP	17,000,000	356 granjas AP y 90 BP
A/turkey/Ireland/1378/83	H5N8 IAAP	307,000	3 granjas de pollos y pavos y una de patos (270 000 )
A/chicken/Victoria/85	H7N7 IAAP	240,000	Una granja
A/turkey/England/50-92/91	H5N1 IAAP	8,000	Una nave en una granja
A/chicken/Victoria/1/92	H7N3 IAAP	18,000	Una granja de pollos y una granja de pollos y patos
A/chicken/Queensland/667-6/94	H7N3 IAAP	22,000	Una granja
A/chicken/Mexico/8623-607/94	H5N2 IABP		Muchas granjas
A/chicken/Pakistan/447/94	H7N3 IAAP	>6,000,000	Muchas granjas
A/chicken/NSW/97	H7N4 IAAP	310000	2 granjas de pollos y una granja de emus
A/chicken/Hong Kong/97b	H5N1 IAAP	3,000,000	Todos los pollos de HK exterminados
A/chicken/Italy/330/97	H5N2 IAAP	8,000	8 granjas
A/turkey/Italy/99	H7N1 IAAP	14,000,000	413 granjas
A/chicken/Chile/2002	H7N3 IAAP	~700,000	2 granjas
A/chicken/Netherlands/2003	H7N7 IAAP	>30.000.000	241 en Holanda, 8 en Bélgica y 1 en Alemania
A/chicken/Eurasia and Africac/2003-2006	H5N1 IAAP	Desconocido, centenas de millones	
A/chicken/Texas/2004	H5N2 IAAP	6,600	Una granja
A/chicken/Canada-BC/2004	H7N3 IAAP	17. 000,000	42 granjas comerciales y 11 corrales
A/ostrich/S. Africa/2004	H5N2 IAAP	30,000	Muchas

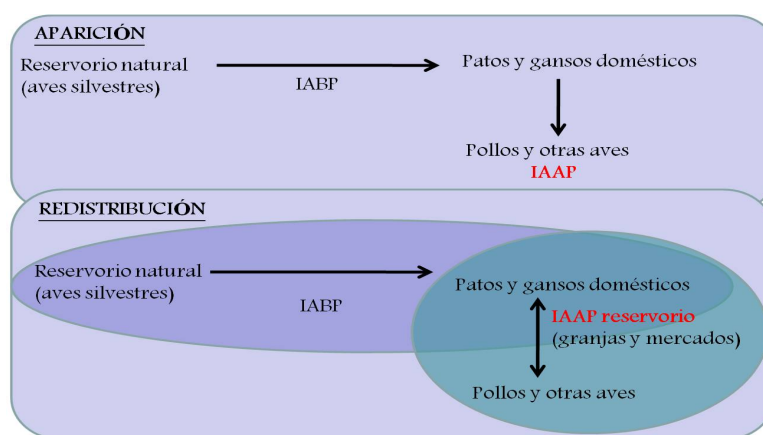
Tabla 9. Brotes de IAAP notificados desde 1959 hasta 2006. Tabla adaptada de Capua y Alexander 2004, complementada con datos de Becker 1966; Rivera *et al.*, 1995; Alexander 2007, Alexander y Brown 2009; Pasick *et al.*, 2009.

### 2.3.A.1. El subtipo H5N1 AP:

**Origen y difusión en Asia:** El subtipo H5N1 fue detectado por primera vez en 1996 en Guangdong (En la República Popular de China) en gansos domésticos (Xu *et al.*, 1999). Posteriormente, diferentes tipos de este precursor unidos a otros virus influenza de reservorios de gansos y patos se diferenciaron antigénicamente de sus precursores y generaron múltiples genotipos que afectaron al Sureste de China (Webster *et al.*, 2002, Guan *et al.*, 2002; Li *et al.*, 2004; Chen *et al.*, 2006a). Estos nuevos genotipos del 2002 resultaron ser cepas mucho más patógenas para las aves acuáticas silvestres y para las aves domésticas. En concreto, presentaban una gran adaptación a la población de patos domésticos, en los que

anteriormente su aislamiento resultaba raro (Ellis *et al.*, 2004; Sturm-Ramírez *et al.*, 2004; Kishida *et al.*, 2005), adquiriendo la capacidad de infectarlos y producirles la enfermedad, principalmente con síndromes respiratorios, que facilitan más aún la difusión de la enfermedad (Pantin-Jackwood y Swayne 2009) (**Figura 24**).

Durante el año 2004, la enfermedad se convirtió en enzoótica en varios países de Asia (Li *et al.*, 2004), produciéndose el sacrificio de millones de aves (Webster *et al.*, 2006) e infecciones en personas y otros mamíferos (Keawcharoen *et al.*, 2004; Kuiken *et al.*, 2004; Peiris *et al.*, 2004). El subtipo H5N1 del virus de la IAAP es el único que se ha propagado a seres humanos, provocando la muerte de más del 60% de las personas afectadas según la Organización Mundial de la Salud (OMS, 2010).



**Figura 24.** Esquema de la emergencia de la cepa A/Goose/Guangdong H5N1 desde el reservorio natural, y su interacción entre las cepas de baja y alta patogenicidad con las aves domésticas (Adaptado de Guan *et al.*, 2009).

Durante Mayo y Junio del 2005, en la reserva natural del Lago Qinghai, más de 6.000 aves de diferentes especies se vieron afectadas, destacando el ganso índico (*Anser indicus*) (Chen *et al.*, 2005; Liu *et al.*, 2005) cuya población disminuyó en un 10% (EFSA, 2008). A finales de julio de 2005, el virus se extendió geográficamente desde su foco original en Asia (**Figura 26**), distribuyéndose por más de 60 países y provocando la pérdida de cientos de millones de aves. Básicamente se han registrado tres olas de propagación del subtipo H5N1 la primera hacia el Este y Sudeste de Asia (Chen *et al.*, 2006b), la segunda desde el lago Qinghai, China, hacia Europa (Gall-Reculé *et al.*, 2008), India y África (Ducatez *et al.*, 2007), y la tercera hacia el Sudeste asiático nuevamente. En terceros países, continúan apareciendo focos de tipo endémico. Su adaptación a las especies domésticas junto con las peculiaridades de la industria aviar en muchos de los países asiáticos, han podido producir una mayor capacidad de transmisión y amplificación de la enfermedad (Guon *et al.*, 2009; Alexander y Brown, 2009).

Entre las causas principales de la gran difusión de la enfermedad en los países asiáticos se han citado la abundancia de explotaciones de patos unido a las características

de estos sistemas agrícolas, como su ubicación tierras de regadío (cultivos de arroz), con importantes fallos o ausencias de medidas de bioseguridad en las explotaciones aviares, el importante comercio de aves domésticas y la estrecha relación entre aves de corral y silvestres. Entre otros factores cabe destacar, el momento del Año Nuevo Chino, en el que las ventas de patos para consumo se disparan considerablemente (Pfeiffer *et al.*, 2007; Lee *et al.*, 2008; Gilbert *et al.*, 2008) y el notable incremento de la industria avícola en diferentes países de Asia. Desde 1990 hasta 2005, el crecimiento de la avicultura en los países desarrollados ha sido de un 29%, un porcentaje ínfimo comparado con algunos países asiáticos, por ejemplo China y Vietnam han incrementado en un 130% y 170% su avicultura entre 1993 y 2003 (**Figura 25**) (Unep 2007, Faostat 2004).

Este incremento del censo avícola unido a la alta mortalidad que existe en aves de corral, debido a otras infecciones como la enfermedad de Newcastle, que es común en algunos países de sudeste asiático, puede haber contribuido enormemente a los retrasos en la detección y el diagnóstico de la IAAP (Eagles *et al.*, 2009)

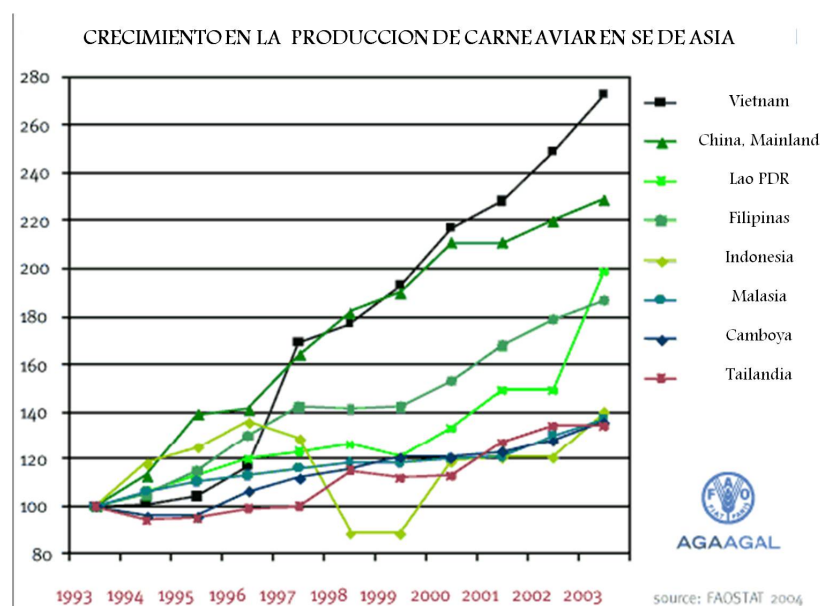
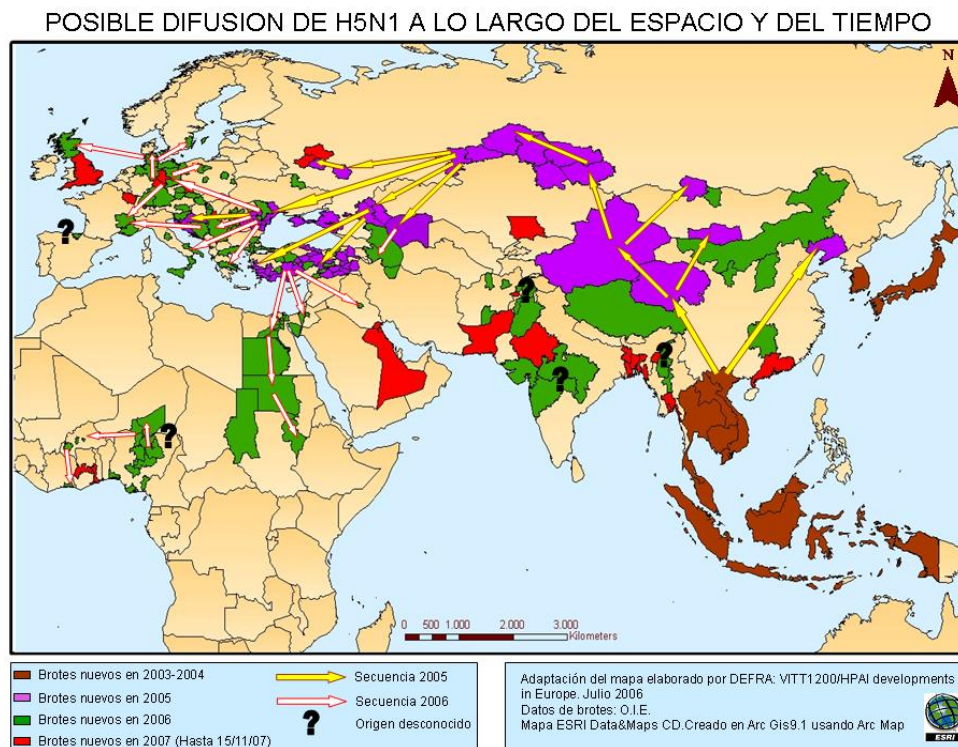


Figura 25. Crecimiento de la producción de carne aviar en el Suroeste de Asia desde 1993 hasta 2003. Fuente Faostat 2004.

**Origen y difusión en Europa:** La evolución del virus en el continente europeo comenzó en el año 2005 cuando se notificó un brote de influenza aviar H5N1 HP en Rusia, en pollos. El frente infeccioso fue avanzando extendiéndose hacia el oeste por todo el continente llegando a Albania, Alemania, Austria, Eslovaquia, Eslovenia Francia, Grecia, Hungría, Italia, Suiza, Suecia, Polonia, Reino Unido, Rumania y Serbia entre Febrero y Marzo del 2006 (**Figura 26**). En Julio de 2006, cuando ya sólo quedaban focos en Hungría, tuvo lugar el único caso detectado en España de H5N1 IAAP, en un ejemplar de Somormujo lavanco silvestre (*Podiceps cristatus*) hallado muerto en el embalse de Salburúa, en la provincia de Álava. A pesar de la intensa vigilancia desarrollada, tanto activa como pasiva, que año tras

año ha superado con creces las previsiones (Martínez *et al.*, 2008), no se ha detectado ningún otro caso de H5 de alta patogenicidad en nuestro país. En total más de 550 notificaciones en 24 países europeos, aunque la mayoría de ellas fueron en aves silvestres (OIE, 2010d).



**Figura 26.** Origen de los brotes y de su posible evolución a lo largo del tiempo hasta el 15/11/07. Elaboración propia a partir de la adaptación y actualización del estudio realizado por DEFRA (DEFRA, 2006).

Existen diferentes orígenes de los diferentes genogrupos de H5N1 AP identificados en estos brotes europeos, algunos eran muy similares al encontrado en el Lago Qinghai y otros se identificaron como procedentes del A/mallard/Bavaria/1/2006 (identificado en Alemania), cuyo parecido es mayor con los primeros virus aislados en Rusia. Se cree que varios países (por lo menos Alemania, Italia y Francia) han tenido virus circulantes con diferentes orígenes coincidentes en el tiempo (Gall-Reculé *et al.*, 2008). A lo largo del 2007 se produjeron 3 ondas epidemiológicas en Europa: La primera en Enero y Febrero, fundamentalmente en aves domésticas de Rusia y Turquía, aunque se notificaron brotes esporádicos en Hungría y Reino Unido, conectados entre ellos por comercio de carne infectada (Promed, 2008a). En junio aparecieron numerosos brotes en aves silvestres que afectaron a Alemania y en menor medida a Francia. La última onda fue en Rumania, Polonia, Reino Unido y Alemania, en Noviembre y Diciembre de 2007. Los estudios epidemiológicos realizados muestran la existencia de analogía genética entre los distintos focos detectados a finales de verano del 2007 y los de final de año y, a su vez, la de éstos con cepas halladas en Kuwait en aves de corral y de cetrería, y países de Oriente Medio y Rusia. Estos aislamientos no muestran similitud

con los focos de principios del 2008, ni con los del 2006, por lo que parece que puede atribuirse a una nueva entrada del virus (MAPA, 2008).

A lo largo del 2008 dentro de la UE sólo se han visto afectadas aves silvestres, en Reino Unido y Suiza. El foco en Reino Unido tuvo lugar entre Enero y Marzo en cisnes silvestres afectados por una cepa del virus similar a otras aisladas en el continente europeo, concluyéndose que el virus fue introducido por aves migratorias infectadas (Defra, 2008). El brote notificado en Suiza, se detectó durante la vigilancia activa del programa nacional para IAAP, donde resultó positivo un porrón común (*Aythya ferina*) que no presentaba signos clínicos. La secuencia determinada mostró alta homología con el virus encontrado en las secuencias de Europa oriental en 2007 (Promed, 2008b). En 2008 en Turquía, en la zona costera del mar Negro (costa asiática), se han producido 6 brotes de H5N1 AP en aves de corral. Tras la realización de investigaciones filogenéticas en el virus aislado, se ha determinado que es similar a virus aislados en 2006 en Turquía y Rumania.

Durante el año 2009 se notificaron casos de IAAP en aves silvestres en Alemania (en enero, un ánade real) y en Rusia (junio y octubre, en aves acuáticas y en una paloma respectivamente). Durante el mes de junio, España notificó un foco de IABP (H5N3) en Navarra, en una explotación de patos de engorde ubicada en el término municipal de Los Arcos (Comunidad Foral de Navarra). Ni en las semanas previas al hallazgo, ni en las posteriores, pudieron apreciarse síntomas clínicos de enfermedad en las aves o muertes de los animales allí albergados. La detección tuvo lugar en el marco de los planes de vigilancia del Ministerio (OIE-WAHID, 2009). Los estudios de epidemiología molecular llevados a cabo por los Laboratorios de Referencia indican que el virus aislado se encontraría dentro del mismo grupo que otros aislamientos previos europeos en Portugal (2007), un ave silvestre en Reino Unido (2007), otro en Bélgica (2008) y varios aislamientos en Italia (2008), siendo el primero de todos ellos el que mostró mayor similitud (98,4%).

En el primer semestre del 2010 destacan los dos brotes de H5N1 AP en Rumanía en aves domésticas de corral durante el mes de marzo, en el Delta del Danubio, cuyo origen parece ser el contacto con aves silvestres infectadas, así como un caso en Bulgaria en un ratonero común (*Buteo buteo*) en el mismo mes (OIE, 2010d).

En la evolución mundial del virus H5N1 AP, todos los sectores avícolas se han visto afectados, pero concretamente los patos domésticos criados al aire libre de manera comercial, los criaderos familiares de aves de corral, los mercados de aves vivas y los gallos de pelea parecen haber sido los sectores domésticos de mayor importancia en la propagación. Así mismo, también se cree que las aves silvestres han podido jugar un papel decisivo en la difusión de algunos brotes en algunas partes del mundo como por ejemplo en Europa (Alexander y Brown, 2009), donde Alemania, Francia y Suecia, han sufrido brotes de IAAP H5N1, cuyo origen ha sido el contacto con aves silvestres.



### 2.3.A.2. Los subtipos H7 AP:

---

Entre 1996 y 2008 (**Tabla 9**) la frecuencia de brotes de IAAP se incrementó en gran medida. Incluso si los focos de H5N1 no hubieran tenido lugar, tres de los 10 brotes registrados entre 1995 y 2009 se consideran como los más graves de la historia de la IAAP debido al elevado número de aves que murieron o tuvieron que ser sacrificadas de manera sistemática (Alexander y Brown, 2009). Estos brotes fueron los ocurridos en Italia de H7N1 (1999), en Holanda de H7N7 (2003) y en Canadá de H7N3 (2004):

**Italia:** A finales de 1999 una cepa de alta patogenicidad de H7N1 se notificó en la zona norte de Italia, causando la muerte de más de 13 millones de aves. Esta cepa había estado circulando los 6 meses anteriores en su forma de baja patogenicidad, en las mismas regiones (Capua y Marangón, 2000). Los brotes tenían una similitud genética con las cepas circulantes en silvestres durante ese mismo año (Campitelli *et al.*, 2004). Si el contacto fue de domésticas a silvestres o viceversa se desconoce, el hecho es que hubo contacto.

**Holanda:** En marzo del año 2003 en los Países Bajos, tuvo lugar una epidemia de H7N7. En el transcurso de semana, se extendió a las fronteras de Bélgica y después a Alemania. En los tres países se procedió a la erradicación por sacrificio.

**Canadá:** A principios de 2004 se aislaron cepas de baja patogenicidad del virus de influenza aviar del subtipo H7N3 en Canadá. Estas cepas mutaron a alta patogenicidad, y, a pesar de las medidas de bioseguridad adoptadas en la granja, el virus no pudo ser controlado en la misma diseminándose a más de 40 granjas avícolas comerciales, antes de que se implementara una campaña de despoblación masiva en la que se sacrificaron 16.000.000 aves y que concluyó con la erradicación de la enfermedad (Bowes *et al.*, 2004).

En el año 2009, el brote que reviste más importancia en el desarrollo de este estudio es el primer caso de IAAP notificado en España en aves domésticas en Octubre. El brote se notificó en Almoguera (provincia de Guadalajara), y fue identificado el subtipo H7N1 de alta patogenicidad como causante del foco. Tuvo lugar en una explotación de gallinas ponedoras, con un censo de 308.640 aves. Se infectaron dos de las cuatro naves que se encontraban en funcionamiento, en las cuales se vieron síntomas clínicos de altas mortalidades y descensos en la producción de huevos. Todas las aves de la explotación fueron sacrificadas. De acuerdo con el Código sanitario para los animales terrestres de la OIE (2010b), un país podrá recuperar su estatus sanitario 3 meses después de la desinfección de todas las explotaciones afectadas, por lo cual España tras la aplicación de medidas de restricción, las operaciones de muestreo, sacrificio y destrucción, junto con las operaciones de limpieza y desinfección que finalizaron el 29 de octubre, fue declarada oficialmente libre de enfermedad el 29 de enero de 2010. La explotación donde fue notificado el brote está considerada como de alta bioseguridad y cumple todas las normativas requeridas en cuanto

a materia sanitaria se refiere. La granja se encuentra situada en un área de alta densidad avícola, y todas las explotaciones en un radio de 13 Km (8 en total) fueron analizadas resultando negativas. El hecho de que la granja no hubiera realizado movimientos comerciales en los dos meses anteriores al brote, junto con la cercanía de la explotación al embalse de Almoguera (1,43Km), que contiene un importante censo de aves acuáticas, hace apuntar a la posibilidad de que el origen haya sido a través de fómites infectados por el contacto con aves silvestres. La carretera que conduce a la explotación también comunica con el humedal, convirtiéndolo en un lugar muy idóneo como área de descanso para los trabajadores de la explotación, habiendo podido contaminarse con material infectado y haberlo trasladado accidentalmente a la explotación. Actualmente se está desarrollando un estudio de muestreo en dicho embalse para analizar muestras de aves acuáticas y discriminar si pudieron ser o no el origen de la infección.

La difusión de la IAAP en un país implica un conjunto de gastos directos debidos al coste del vacío sanitario de granjas, al sacrificio de aves, y a los costes laborales, de personal sanitario y de vacunación si se realiza, e indirectos, dentro de los cuales se incluyen cierre de mercados, pérdidas de producción, descenso de los precios, etc. Los brotes de IAAP (H5 y H7) que se han descrito en Europa, han causado un gran impacto en los mercados del huevo y del pollo, ya que en algunos países ha sido necesario cerrar el comercio exterior y en otros ha disminuido de manera considerable el consumo de productos avícolas. A consecuencia de ello, la Comisión de la UE tuvo que aprobar medidas excepcionales de apoyo a los mercados a fin de mitigar la falta de confianza de los consumidores, aparte de compensar por las pérdidas en el ganado y el coste de las vacunaciones y las medidas de limpieza y desinfección implantadas (Selecciones avícolas, 2010).

En el momento de la redacción final de este documento en Octubre del 2010, España se encuentra libre de las dos enfermedades víricas aviares con mayor grado de difusión entre la población aviar, la Influenza Aviar y la Enfermedad de Newcastle, ambas de declaración obligatoria según la Oficina Internacional de Epizootias, cuya notificación en un país provoca importantes restricciones al comercio internacional. Sin embargo, como se ha descrito, los últimos brotes en nuestro país y en los países de nuestro alrededor no son muy lejanos, mostrándonos que es necesario mantener la vigilancia constante en este tipo de enfermedades.

## 2.3. B. Planes de vigilancia y control de Influenza aviar en España

Las medidas de vigilancia y control de las enfermedades aviares en España están legisladas en el ámbito comunitario y nacional y definen las actividades que deben aplicarse en los países comunitarios para una detección temprana de las enfermedades, así como las actuaciones frente la aparición de un brote en una explotación. La legislación aplicable en el control de la IAAP en la Unión Europea es la Directiva 2005/94/CEE de 20 de diciembre, relativa a las medidas comunitarias de lucha contra la influenza aviar, que reemplaza a la Directiva del Consejo 92/40/CE y que ha sido transpuesta al ámbito nacional mediante el Real Decreto 445/2007, de 3 de abril, por el que se establecen las medidas de lucha contra la influenza aviar. Esta nueva normativa incluye también el control de brotes de influenza aviar de baja patogenicidad (LPAI) causada por los subtipos H5 o H7 en aves de producción, con objeto de evitar la dispersión de los mismos a otras aves de corral, dado el potencial de mutación de estas cepas a virus de alta patogenicidad, e incluye la posibilidad de vacunación si el país realiza un ejercicio de análisis de riesgo exhaustivo que justifique el uso de la vacuna como medida de contención.

### 2.3.B.1. La vigilancia en aves domésticas y silvestres

En España, la vigilancia en aves domésticas y silvestres se realiza a través del Plan de Vigilancia de la Influenza Aviar desde el año 2003, que y fue ampliado a aves silvestres en el año 2004. El sistema de vigilancia activa vigente actualmente en España está basado en las medidas comunitarias relativas a la lucha contra la influenza aviar que se renueva anualmente desde 2006. Los objetivos del plan de vigilancia del MARM enviado a la comisión el 30 de abril del 2009 (MARM, 2010e) son:

1. Detectar infecciones subclínicas con cepas H5 y H7 de baja patogenicidad, como complemento de los sistemas de detección precoz, para evitar su diseminación y prevenir la posible mutación a cepas de alta patogenicidad.
2. Detectar infecciones con cepas H5 y H7 de baja patogenicidad en las aves domésticas que se considera que pueden tener mayor riesgo por su sistema de cría, o la susceptibilidad de las distintas especies.
3. Contribuir a demostrar el status de libre de influenza aviar notificable de un territorio de acuerdo con las normas internacionales de comercio y la OIE.
4. La vigilancia en aves domésticas, está formada por un programa de vigilancia pasiva y otro de vigilancia activa:

**La vigilancia pasiva en aves domésticas** se basa en la detección precoz de la IAAP. Para ello, resulta fundamental la vigilancia clínica de las aves por el propietario, persona a cargo de las aves o veterinario, y la remisión inmediata al laboratorio para su análisis en caso necesario de muestras de aves muertas o enfermas. La decisión de considerar sospechosa una explotación de influenza aviar altamente patógena se basará en las siguientes observaciones y criterios:

- a) Observaciones clínicas y patológicas en las aves: La reducción de la ingesta de pienso y agua superior al 20%, sin justificar; la reducción de la producción de huevos superior al 5% durante más de dos días, sin justificar; un índice de mortalidad semanal superior a un 3%, sin justificar o, todo indicio clínico o lesión post-mortem que sugiera la presencia de IA.
- b) Observaciones epidemiológicas: si las aves han estado en contacto directo o indirecto con una explotación avícola que, según se haya demostrado, haya estado infectada con el virus de la influenza aviar de alta patogenicidad; si una explotación de cría o recria ha distribuido aves reproductoras que, según se haya demostrado posteriormente, estuvieran infectados con el virus de la influenza aviar o, si cabe la posibilidad de que las aves hayan estado expuestos al virus, por ejemplo, debido a la entrada en la explotación de personas, vehículos, etc.
- c) Observaciones derivadas de los resultados de pruebas serológicas.
- d) Observaciones derivadas de los resultados de pruebas de detección del virus en análisis de heces o hisopos cloacales o traqueales/orofaríngeos mediante pruebas de RT-PCR sin la existencia de síntomas clínicos en las aves.

**La vigilancia activa en aves domésticas** se basa en muestreos periódicos estratificados de explotaciones para cada Comunidad Autónoma, con el fin de que pueda considerarse representativo de todo el territorio español. Están adaptados a la estacionalidad de las producciones, y abarcan un número de explotaciones que deben garantizar la detección en caso de una prevalencia estimada del 5% con un intervalo de confianza del 95% en el caso de pollos y con un intervalo de confianza del 99% en explotaciones de pavos, gansos y pavos. El número mínimo de explotaciones a muestrear se calcula a partir del número de explotaciones existentes en la zona en cada categoría. El número de aves a muestrear dentro de cada explotación seleccionada oscila entre 5 y 10 aves, salvo en el caso de pavos, patos y gansos, en que el número de muestras se incrementa hasta 40-50. En aves de corral, la vigilancia se basa en muestreo y diagnóstico serológico de las aves; si se detectan casos positivos, se realiza una nueva recogida de muestras para serología y virología, y se lleva a cabo un estudio retrospectivo acerca de las actividades que han tenido lugar en la explotación y que pudieran permitir establecer posibles vínculos epidemiológicos. Durante el año 2006, se muestrearon 7.390 explotaciones; en 2007 se muestrearon 5.221 y en 2008 un total de 5827. Los datos para 2009 aún no se han publicado (European Comisión, 2008 a).

Las medidas de vigilancia establecidas en la Unión Europea para la importación de aves vivas y productos de terceros países, se han adoptado en España intensificando los controles de inspección fronterizos que además del control de mercancías también incluyen el de viajeros (MARM, 2010e).

**La vigilancia pasiva en aves silvestres.** La finalidad de la vigilancia en aves silvestres es identificar el riesgo de introducción a las aves domésticas del virus de la influenza aviar (tanto de alta como de baja patogenicidad). La vigilancia pasiva se basa en la vigilancia de aves enfermas o muertas. Su aplicación en España se centra en zonas y épocas en las que se produzcan concentraciones de aves silvestres. Esta vigilancia incluye a todas las especies aviares. Si se encuentran animales muertos con características no habituales se procederá de forma inmediata a la retirada y traslado para necropsia y recogida de muestras. En el caso de aves vivas enfermas, se mantendrán en un Centro de Recuperación o lugar de funcionamiento similar hasta el momento del resultado analítico.

**La vigilancia activa en aves silvestres** se realiza en las aves de las especies más abundantes pertenecientes a los órdenes *Anseriformes* y *Charadriiformes*, recogiendo muestras en forma de hisopos cloacales y orofaríngeos (en caso de no ser posible las heces frescas son una alternativa). Las áreas donde se concentra en mayor medida esta vigilancia son las *zonas de especial vigilancia asociadas a humedales* establecidas en la Orden APA 2442/2006 (puede observarse en la Figura 30., en el apartado 2.4. Factores de riesgo). Sin embargo, a pesar de que en las áreas citadas se concentre más la vigilancia, es necesario cumplir un muestreo mínimo de 598 muestras/zona en cuatro zonas geográficas definidas (**Figura 27**) para asegurar el hallazgo de un animal infectado con una prevalencia esperada del 0,5%, y un intervalo de confianza del 95%.



Figura 27. Zonas de estratificación geográfica del muestreo de aves silvestres en vigilancia activa.  
Fuente: Programa de vigilancia Influenza Aviar 2010 (MARM, 2010e)

### 2.3.B.2. El control de la IAAP en España

El control de la IAAP queda detallado en el Manual Práctico de Operaciones en la Lucha contra la IAAP (MARM, 2007) donde se describen las actuaciones que deben seguir las autoridades competentes en materia de sanidad animal ante la aparición de un foco de la enfermedad, y cuyo objetivo final es evitar la propagación a otras explotaciones de aves de

corral o a las aves silvestres. Tras la comunicación de la sospecha, las actuaciones se producen a tres niveles Inspector Veterinario (IV), el Centro Local (CL) y el Centro Nacional (CN). Una vez que se confirma en el Laboratorio Central de Veterinaria la sospecha de IAAP en una explotación de aves, se procede de inmediato al sacrificio y a la eliminación de los cadáveres y sus restos, así como a la desinfección de la explotación de acuerdo con la normativa vigente. Se prohíbe inmediatamente la entrada o salida de animales de cualquier especie de la explotación, y en caso de que en la misma existan cerdos, se procederá a su análisis serológico para determinar si pueden suponer un riesgo. Estas medidas pueden ser de aplicación también en aquellas explotaciones con las que pueda existir un vínculo epidemiológico. Para impedir la difusión, tras la confirmación de un foco se establece alrededor de la explotación afectada **una zona de protección de un radio mínimo de 3 Km y una zona de vigilancia de un radio mínimo de 10 Km**. Dentro de la zona de protección se señalará, además, una zona con un radio de 1 Km. Se deberán censar todas las explotaciones industriales o domésticas situadas en estas zonas y se aislarán las aves, habrá una vigilancia clínica y se realizarán análisis serológicos en todas las explotaciones dentro del radio de 1 Km y en aquellas del radio de 3 Km que tengan signos clínicos. En el caso de que alguna de las explotaciones resulte positiva se sacrificarán todas las aves y se establecerán nuevas zonas de protección y de vigilancia a su alrededor. Ambas zonas permanecerán definidas como tales durante un periodo mínimo de **21 días en la zona de protección y 30 en la zona de vigilancia**. Los objetivos de estas actuaciones son aislar el brote y erradicar la enfermedad.

Cuando se llevan a cabo sacrificios obligatorios por motivos sanitarios, el propietario tiene derecho a percibir una indemnización, siempre que se compruebe que ha cumplido con todo lo dispuesto en la normativa sanitaria.

La repoblación de la explotación se llevará a cabo bajo estrictas medidas de control, una vez transcurridos como mínimo 21 días tras la desinfección.

En el caso de un brote de IABP, se sacrifican todas las aves de la explotación de la especie afectada y se procede a la eliminación sanitaria de sus restos y a la desinfección. En función del riesgo estimado, se realiza el vaciado también de las restantes especies aviares. Una vez transcurridos 21 días se podría repoblar, aunque siempre bajo estrictas medidas de control.

### **2.3.B.3. La vacunación como medida de control**

Las vacunas constituyen armas importantes para el control de la influenza aviar cuando se utilizan de forma adecuada y complementaria a otras medidas de bioseguridad que impidan o reduzcan la entrada del virus y su posterior difusión (Sánchez-Vizcaíno, 2006). Durante el año 2007, se detectaron focos de IABP en algunos países europeos. En el caso de

Italia, el número de focos detectados fue muy elevado, y parecía escapar a la capacidad de control, a pesar de las estrictas y costosas medidas establecidas en cada uno de los focos. Ello llevó a este país a replantear su estrategia de lucha, y se aplicó un plan de vacunación de emergencia, mediante vacunas DIVA (que permiten diferenciar animales infectados de los vacunados), que fue aprobado por la Comisión Europea, y que mostró excelentes resultados (Capua *et al.*, 2002, 2004). Otros países europeos como Portugal también han realizado vacunaciones de emergencia.

En España, la vacunación está prohibida, pero se dispone de un Plan de Vacunación de Emergencia para su aplicación en caso de riesgo grave, que detalla los requisitos que habrían de cumplir en su caso los programas de vacunación. Sin embargo, en aves en cautividad sí que se han realizado campañas de vacunación preventiva durante los años 2006 y 2007 (MARM, 2010 e).

Como se ha descrito en el apartado de antecedentes (2.3.A. Evolución histórico-temporal de los virus IAAP), ambos tipos de vigilancia, la activa en el caso del serotipo H5N3 de baja patogenicidad detectado en Navarra, así como la pasiva en el caso de los brotes de Salburúa (2006) y el brote de Almoguera (2009), han dado muy buenos resultados, permitiendo hacer una rápida detección y actuación de control. La vigilancia epidemiológica de la IAAP basada en la evaluación del riesgo está recomendada por la OIE en el Anexo 3.8.9 del Código Sanitario para los Animales Terrestres (OIE, 2007), e implica la incorporación de los resultados de estudios epidemiológicos que ayuden a un mejor ajuste de los gastos en esta actividad. La desproporción entre coste-beneficio que puede llegar a alcanzarse derivada de planes de vigilancia con un planteamiento poco focalizado, puede ilustrarse con el ejemplo de la vigilancia de la IAAP en España durante el año 2006, en el que se muestrearon en España 39.410 aves silvestres, con un coste total entre vigilancia activa y pasiva de 1.027.925 €. El estudio de Martínez *et al.* (2008) muestra cómo la importancia de las aves migradoras silvestres en España, la comunicación del riesgo y diversos aspectos sociales y políticos provocaron una alta percepción del riesgo en nuestro país, que contribuyó a hacer unos esfuerzos significativamente superiores con respecto al riesgo que verdaderamente existía en España, concretamente un 13% superiores a los esfuerzos realizados por el resto de los países de la UE. En el ámbito de los presupuestos generales del estado (PGS), el PGS destinado a programas estatales de control y erradicación de enfermedades de los animales y a la redes de alerta sanitaria animal del ejercicio presupuestario del 2010 es de 28.000.000€. En una etapa de mayor escasez económica como la que se desprende de la actual crisis financiera, la importancia de un ajuste exhaustivo de los esfuerzos destinados a la vigilancia sanitaria animal que permitan una mayor eficacia de la gestión de los recursos, cobra una mayor relevancia. Uno de los objetivos de los modelos de difusión presentados en este estudio persigue la aplicación de los mismos en los planes de vigilancia epidemiológica permitiendo un ajuste preciso a los requerimientos sanitarios avícolas de cada región.

### 2.3. C. Planes de vigilancia y control de Influenza aviar en Castilla-León

A través del Decreto 71/2005 y 72/2005, del 13 de octubre, se establece un sistema de control y evaluación de riesgos para la lucha contra la influenza aviar de alta patogenicidad y se crean la Comisión de Coordinación y Seguimiento de la enfermedad y el Comité Asesor de Castilla y León para la prevención, preparación y respuesta ante una pandemia de gripe. El Plan coordinado de actuaciones frente a la influenza aviar establece como zonas de riesgo las zonas de alta densidad ganadera en las unidades veterinarias de Valladolid, Olmedo, Villalón, Cuellar, Lerma y Aranda del Duero.

En cuanto a la vigilancia de aves silvestres, los humedales de Villafáfila (Zamora) y la Nava-Boada (Palencia, Valladolid) son considerados zonas de riesgo en épocas invernales y en primavera-verano debido a la llegada de numerosas aves en ambos periodos. Las Zonas de Especial Vigilancia en materia de Influenza Aviar (Tabla 10) ante las migraciones de aves en primavera-verano se establecen por la Dirección General de Producción Agropecuaria en la Instrucción del SSA/1/2006, de 28 de Marzo basándose en la Orden APA/571/2006, de 2 de marzo (Rubio *et al.*, 2007). El seguimiento de estas zonas es semanal durante el período que tienen agua estas zonas húmedas.

PROVINCIA	ESPACIOS NATURALES CON ALTAS CONCENTRACIONES DE AVES ACUÁTICAS
Ávila	Embalse de Rosarito
Burgos León	Laguna del Oso
	Embalse del Ebro
	Embalse de Selga de Ordás
	Laguna de Villadangos del Páramo
Palencia	Lago de Carucedo
	Laguna de Boada
Salamanca	Laguna de la Nava
	Embalse de Santa Teresa
Segovia	Azud de Riobobos
	Embalse de Cantalejo
Soria	Embalse del Pontón alto
	Embalse de Monteagudo de las Vicarías
Valladolid	Embalse de San José
	Laguna de Tamariz de Campos
Zamora	Lagunas de Villafáfila
	Embalse de Ricobayo

**Tabla 10. Zonas de Especial Vigilancia de aves silvestres en materia de Influenza Aviar. Fuente: Rubio *et al.*, 2007.**

Los sistemas productivos al aire libre, son una prioridad en la vigilancia epidemiológica, por lo tanto en CyL, dada la gran distribución de aves migratorias se prestará especial atención a todas las explotaciones al aire libre, incluidos los corrales domésticos (Rubio *et al.*, 2007). En los municipios situados en un radio de 10 Km alrededor de los humedales de riesgo, se llevan a cabo chequeos serológicos de al menos 5 explotaciones de autoconsumo diferentes al mes en el marco de los sistemas de detección precoz.



## 2.4. Factores de riesgo que intervienen en la difusión del virus

Las enfermedades aviares no ocurren de manera aleatoria en las explotaciones. A medida que se incrementan los conocimientos sobre los diferentes procesos, la evidencia científica demuestra que la "vulnerabilidad" de determinadas explotaciones, áreas o países tiene una justificación. En concreto, se debe a la presencia de cierto número de características de tipo estructural, ambiental, biológico o social, que actuando individualmente o entre sí desencadenan la presencia de un proceso. Surge entonces el término de "riesgo" asociado a la presencia de una característica o factor (o de varios) que aumenta la probabilidad de ocurrencia de una enfermedad. En este sentido el riesgo constituye una medida de probabilidad estadística de que en un futuro se produzca la presencia de una enfermedad. El conocimiento e identificación de los factores de riesgo, así como la medición de la probabilidad de riesgo, permite una predicción y prevención de dicho riesgo (Fernández et al., 2002).

Los factores de riesgo asociados a la difusión de las enfermedades aviares entre explotaciones avícolas dependen básicamente de las características intrínsecas y del entorno de cada explotación, del tipo de especie avícola, y del agente patógeno. En este apartado se describen los factores de riesgo asociados a la difusión de la IAAP entre explotaciones (**Figura 28**). Se ha realizado una recopilación de aquellos factores de riesgo de difusión más significativos, que han sido objeto de análisis en diversos artículos científicos y/o descritos en epidemias recientes de países afectados por IAAP cuya avicultura pueda ser comparada con la española.



Figura 28. Esquema de factores de riesgo para la difusión de enfermedades aviares. Elaboración propia.

### 2.4. A. Bioseguridad:

Es indudable que el riesgo de entrada y difusión de cualquier enfermedad está estrechamente asociado a la bioseguridad de las explotaciones, ya que como se ha descrito en el apartado 2.2.B, la transmisión del virus puede producirse mediante secreciones,

excreciones, así como por fómites (Alexander, 1995; van den Berg y Houdart, 2008). Por lo tanto, cuanto mayor sean las medidas de bioseguridad destinadas a extremar las condiciones de higiene a todos los niveles, así como a controlar el posible acceso a la explotación de animales, personal o vehículos, menor será el riesgo de difusión.

La bioseguridad se define en el Real Decreto 1084/2005 del 16 de Septiembre, de ordenación de la avicultura de carne como: "el conjunto de medidas que abarcan todas aquellas estructuras de la explotación y los aspectos del manejo orientados a proteger a los animales de la entrada y difusión de las enfermedades infecto-contagiosas y parasitarias en las explotaciones". Es decir abarca un conjunto de elementos muy heterogéneos. Para poder evaluar estos elementos, es decir, para poder evaluar la bioseguridad de las explotaciones avícolas, la Subdirección General de Sanidad Animal (SGSA) del MARM realiza desde 2007 encuestas de bioseguridad de manera individualizada en cada explotación de gallinas industriales de carne, ponedoras y reproductoras (Ejemplo de encuesta en el Anexo I) dentro del marco del plan de vigilancia de Salmonella en España. El resultado de estas encuestas muestra que el nivel de bioseguridad de la avicultura española industrial es, en términos generales, elevado.

Existen importantes diferencias de bioseguridad en función del tipo de explotación. Dentro de las explotaciones industriales de gallinas, las reproductoras mantienen unos niveles de bioseguridad superiores. En cuanto a la avicultura complementaria, sus niveles de bioseguridad varían en función del tipo de producción (exterior, interior o mixta) y del manejo asociado a cada tipo de especie. Las explotaciones de autoconsumo, que sustentan economías familiares y tienen una tecnología inferior, presentan unos niveles de bioseguridad menores.

Entre los ejemplos recientes de la importancia de la bioseguridad en la difusión de la IAAP, podríamos destacar los brotes de IAAP que afectaron a Italia en 1999-2000, en los cuales la bioseguridad de las granjas fue considerada de gran importancia. Los contactos indirectos por intercambio de personal, maquinaria o utensilios entre granjas fueron la causa de la difusión de la enfermedad en un 10,4% de los casos (Datos del Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie-Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria-Regione Veneto). Otro ejemplo son los fallos de bioseguridad debidos a la presencia de personal no habitual y de mamíferos silvestres, que fueron determinados como factores de riesgo en la difusión de la enfermedad en los brotes en Virginia de H7 en 2002 (Halvorson *et al.*, 2009).

## **2.4. B. Censo o tamaño de la explotación:**

El riesgo de difusión de las enfermedades aviares aumenta progresivamente en las áreas donde hay granjas de mayor tamaño. Esto es debido a que hay un mayor número de animales susceptibles y un mayor número de contactos de riesgo, originado por un movimiento más frecuente de animales vivos, camiones de pienso, personal temporal o permanente, etc. Existe una asociación significativa entre el tamaño de explotación y la

difusión de enfermedades ganaderas (Goodwin, 1985). En estudios retrospectivos de los brotes de IAAP en el Norte de Italia en 1999-2000, Mannelli *et al.* (2006) y Busani *et al.* (2009), observaron y determinaron la importancia del tamaño de granja como factor de riesgo, llegando a categorizarla como se muestra en la **Tabla 11**.

Censo de la explotación (cabezas)	Probabilidad de infección acumulativa (%)
<10.000	8.2
10.000-30.000	18.3
30.000-50.000	22.2
>50.000	29.4

**Tabla 11. Probabilidad de infección acumulativa de IAAP en función del censo de explotaciones aviares (Busani *et al.*, 2009).**



## 2.4. C. Densidad o cercanía entre explotaciones:

La densidad de las explotaciones en una zona es un buen indicador de la probabilidad de ocurrencia de un brote en cualquier enfermedad aviar (Boender *et al.*, 2007a). La localización de las explotaciones en zonas de elevada densidad de producción avícola es uno de los factores epidemiológicos de riesgo definidos por el MARM en las "Normas de bioseguridad frente a la influenza aviar en explotaciones avícolas".

El aumento del riesgo de difusión durante los periodos de contagio por la proximidad entre granjas, se puede explicar a través de la "contigüidad", que hace alusión a la difusión de una enfermedad entre granjas vecinas por causas desconocidas, resultando estadísticamente muy significativa esta vecindad (Henzler *et al.*, 2003). En diversos estudios realizados en Italia, durante la epidemia del virus IAAP H7N7 (1999-2000), se ha analizado la "propagación por cercanía", observándose que las áreas denominadas "puntos calientes", que son aquellas donde se observa una mayor agrupación de casos, son áreas de mayor densidad, de tal manera que en un 26% de los casos, una de las causas de la difusión en estos brotes fue la proximidad a granjas infectadas en un radio de 1 Km o menos (Mannelli *et al.*, 2006; Mulatti, *et al.*, 2007).

El concepto de "contigüidad" también podría explicarse a través de la difusión por vía aerógena, aunque esta vía no se ha determinado totalmente como causa de difusión. Italia se descartó esta vía (Capua y Marangon, 2000), aunque se observaron contagios entre aves separadas por una valla que impedía el contacto directo de aves a aves. La vía aerógena también se sugirió como posible en los brotes de Holanda y Canadá (Landman y Schrier, 2004; CFIA, 2005). Otras posibles explicaciones al denominado concepto de "contigüidad" incluyen vectores como roedores, moscas (Sawabe *et al.*, 2006, Sievert *et al.*, 2006) y mosquitos (Barbazan *et al.*, 2008).



## 2.4. D. Especies o tipo de explotación

La asociación entre el riesgo de difusión de la IAAP y el tipo de producción ha sido confirmado en las diferentes epidemias en Italia y en Holanda de IAAP (Thomas *et al.*, 2005, Busani *et al.*, 2009). Los diferentes tipos de producción influyen en la difusión de las enfermedades aviares por diferentes motivos. Uno de ellos se debe a que algunas especies o tipos de producción como son las granjas de ponedoras, reproductoras y pavos, tienen ciclos productivos mas largos, que por ejemplo los pollos de carne, aumentando el numero de contactos posibles y el riesgo de infectarse y de difundir la enfermedad. Los ciclos superiores a 10 semanas son los que entrañan un mayor riesgo (Thomas *et al.*, 2005, Busani *et al.*, 2009, Sharkey *et al.*, 2008, Halvorson *et al.*, 2009). Así mismo, la susceptibilidad de cada especie frente a una enfermedad determina su importancia en la difusión de la misma. En el caso de IAAP, la capacidad de eliminación del virus, así como la facilidad de identificación o de detección de la enfermedad, determinan el potencial de difusión de una especie. Como se ha descrito en el apartado 2.2D, los patos y los gansos son las especies de mayor riesgo de difusión, seguidos de las codornices, y en un nivel algo más bajo se ubican los pollos, pavos, faisanes y perdices, finalizando con avestruces y con palomas.

Otra causa de riesgo de difusión asociado al tipo de explotación se encuentra en las explotaciones mixtas, donde conviven o bien diferentes especies de aves, o bien aves con otras especies animales (en especial cerdos), así como los sistemas de producción al aire libre o en extensivo, estos tipos de explotación se consideran factores de riesgo importantes para la difusión del virus de la influenza aviar y para la emergencia de nuevas cepas del virus capaces de causar brotes de influenza aviar debido al contacto con especies diferentes y susceptibles, y al aumento de probabilidad de contacto con aves silvestres y vectores de fómites (Swayne y Slemons, 2008).



## 2.4. E. Movimientos

Los movimientos entre explotaciones o a matadero, ya sean de personal, material, animales o vehículos, conllevan un componente de riesgo (Henzler *et al.*, 2003; De Benedictis *et al.*, 2007), siendo uno de los puntos críticos de las explotaciones en los cuales hace hincapié la *Guía de buenas prácticas para la avicultura* (MARM, 2005). El contacto de una explotación con el exterior permite, en condiciones adecuadas, la difusión al exterior y la entrada y difusión al interior de una explotación de una enfermedad infecciosa. Los fallos en la limpieza de los vehículos que contactan con diversas explotaciones de manera periódica hace que actúen como difusores de enfermedades entre explotaciones (Alphin *et al.*, 2010). Así mismo, un elevado volumen de desplazamientos de personas dentro o entre explotaciones también incrementa el riesgo de difusión (MARM, 2009b). El movimiento de

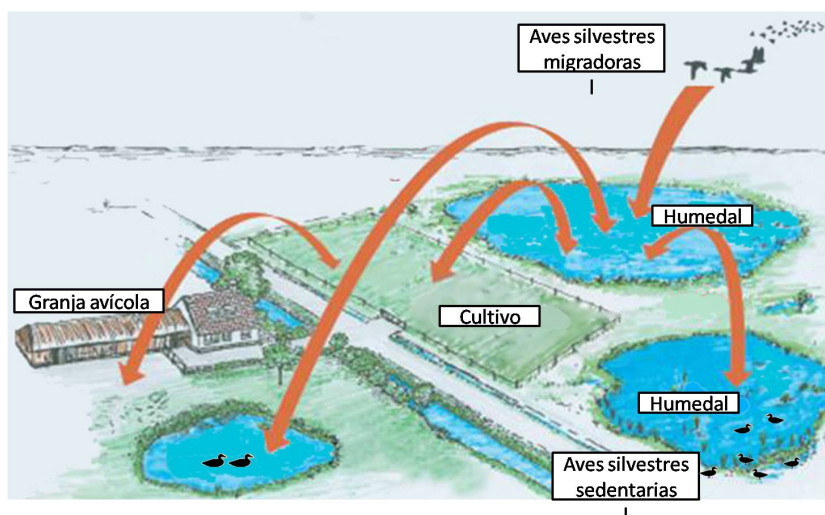
animales vivos es considerado un factor de riesgo directo, pero también repercute en las explotaciones de manera indirecta por su cercanía a las áreas de paso de este tipo de transporte (Trock y Huntley, 2010).

En diferentes brotes de H5N1 AP se ha determinado que el transporte o la cercanía a rutas de transporte han presentado una fuerte asociación con la ocurrencia de brote (Ward *et al.*, 2008; Fang *et al.*, 2008). En Italia, durante la epizootia de IAAP H7 en 1999-2000, los movimientos entre explotaciones se determinaron como causantes de la difusión en un 21,3% en el caso de los camiones de transporte de pienso, en un 21% para movimientos de cama o canales, en un 8,5% para los contactos durante el transporte de aves a matadero y en un 1% para los movimiento de aves infectadas. En el brote de H7N2 en Virginia (California) los movimientos de equipo contaminado fueron la primera causa de difusión (Senne *et al.*, 2003, Alphin *et al.*, 2010).

## 2.4. F. Cercanía a humedales de riesgo.



El contacto con aves silvestres infectadas es uno de los factores de riesgo a considerar en la difusión de enfermedades aviarias. El reservorio natural de los virus de la IA son principalmente las aves silvestres acuáticas, cuyo habitat, permanente o estacionario en épocas de migración, son los humedales y otras masas de agua como ríos, acequias, etc. Las concentraciones de aves en estos amplios lugares, facilita la difusión y amplificación de la enfermedad en el caso de que hubiera presencia del virus de la IA.



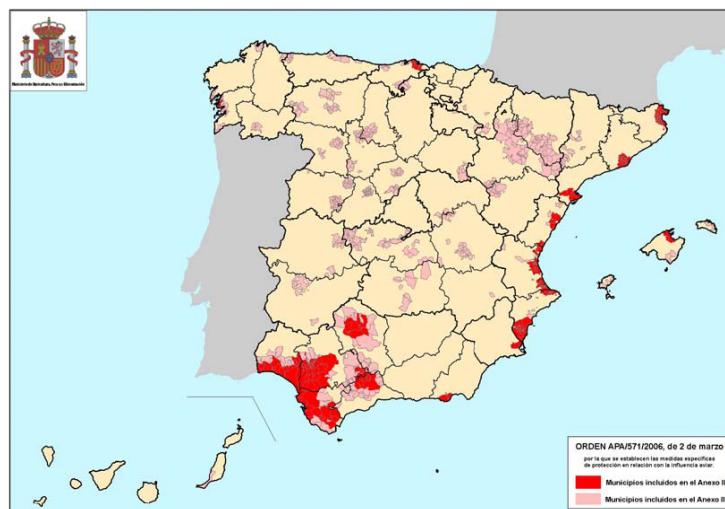
**Figura 29. Diagrama de las diferentes vías de difusión entre las aves silvestres y las domésticas.** Las aves acuáticas migratorias pueden introducir el virus IAAP a las zonas con humedales, y de ahí, esas mismas aves migratorias o bien las residentes, pueden transmitir el virus a otros humedales. Al compartir hábitat de humedad y tierras de cultivo con especies puente podría difundirse el virus a las granjas de aves de corral. Adaptado de Veen *et al.*, 2007.

Los humedales con mayor riesgo de difusión son aquellos que presentan aves acuáticas y en los que las características medioambientales (temperatura, salinidad, etc.)

permiten una adecuada supervivencia del virus, perpetuando su permanencia en el agua y actuando como “plataforma logística” del virus para posibilitar la infección de nuevos individuos. La cercanía de las explotaciones avícolas a este tipo de humedales es por tanto un factor de riesgo de difusión de la enfermedad, disminuyendo conforme nos alejamos del área húmeda. En los brotes en aves domésticas de H5N1 IAAP en Rumanía en 2005-2006 se ha descrito una distancia a humedales o a tierras inundadas de 50 Km. como factor de riesgo significativo, así como distancias a ríos o arroyos de menos de 5Km (Ward, 2008 y 2009b).

En España, la cercanía a humedales es un factor de riesgo tipificado por el MARM, que de acuerdo con la orden APA 2442/2006, clasifica unas zonas de riesgo y de especial vigilancia (**Figura 30**) en las que desde 2006 se concentran en mayor medida los trabajos de vigilancia para la IA (RASVE, 2010). Los factores de riesgo que se consideran en la selección de estas zonas se basan en que cumplan, al menos, alguno de los siguientes requisitos:

- Existencia de datos sobre concentraciones elevadas de aves silvestres.
- Densidad elevada de explotaciones de aves de corral próximas a las zonas de concentración de aves silvestres.
- Imposibilidad o dificultad de evitar suficientemente el contacto entre las aves de corral u otras aves cautivas y las aves silvestres.



**Figura 30. Municipios considerados de riesgo según la Orden APA/571/2006 por la que se establecen medidas específicas de protección en relación con la IA.**

La evidencia para apoyar el papel de las aves silvestres en la difusión de la IA a aves domésticas, ha sido resumida por Alexander (2007) en cuatro puntos clave:

1. La mayor prevalencia de la infección en las explotaciones de aves de corral situadas a lo largo de rutas migratorias de las aves acuáticas silvestres, especialmente en aquellas de pavo y pollo cercanas a zonas de cultivo.
2. La existencia de un nivel más alto de infección en aves de corral en estado de libertad comparadas con las aves criadas en recintos cerrados.

3. La similitud de los subtipos de los virus de IA que causan la infección en aves domésticas y aves silvestres acuáticas en las áreas que se han visto afectadas con brotes.
4. La estacionalidad en la ocurrencia de brotes de IA de baja patogenicidad asociados a los patrones migratorios de las aves silvestres.

#### **2.4. G. Supervivencia del virus en el medio en función de la temperatura.**

---

Como se ha descrito en el apartado 2.2.C, en condiciones medioambientales favorables los virus de la IA pueden permanecer activos mucho tiempo, siendo el medio ambiente una vía potencial de transmisión entre muchos hospedadores distintos, en animales silvestres y en domésticos (Stallknecht y Brown, 2009). La persistencia del virus en el medio es inversamente proporcional a la temperatura del mismo, por ello, las zonas con altas temperaturas tienen un riesgo menor de presencia del virus en el medio (Shahid *et al.*, 2009).

#### **2.4. H. Altitud:**

---

La altitud ha sido considerada como un factor protector por algunos autores (Busani *et al.*, 2009) en cuanto a su papel en la influencia de la transmisión de los virus entre granjas. Esta hipótesis viene derivada de la dificultad de contacto entre explotaciones en estas áreas, en comparación con las de altitudes más bajas. En otras palabras, áreas montañosas de peor acceso tienen menos contactos, estando pues ligada esta variable al factor de riesgo de movimientos de manera inversa. En el estudio realizado por Busani se considera que una altitud superior a 150 m sobre el nivel del mar, es un factor protector en cuanto a la ocurrencia de brotes de IAAP, debido a que el área donde se realizó el estudio (Lombardia y el Veneto) tienen diferentes patrones de ubicación de las explotaciones, encontrándose en su mayoría en la zonas de menor altitud. En España dicho factor no puede ser considerado ya que más de la mitad de la superficie del país se encuentra a una altura superior a 600m y el patrón de distribución de las explotaciones está condicionado a partir de altitudes muy superiores.

## 2.5. Análisis epidemiológico espacial y uso de modelos de riesgo en enfermedades infecciosas animales

### 2.5. A. Epidemiología espacial de las enfermedades infecciosas.

El término epidemiología espacial se utiliza para describir estudios sobre las causas y la prevención de las enfermedades mediante el uso de diferentes tipos de análisis en los que la localización espacial de los datos a analizar es un componente fundamental (Thomas, 1990). Los objetivos del análisis epidemiológico espacial son la descripción de los patrones espaciales, la identificación de la agrupación de casos de una enfermedad, y la descripción o predicción del riesgo de una enfermedad (Pffeifer *et al.*, 2008). Desde un punto de vista geográfico, la salud de una población se relaciona de alguna manera con las características geográficas del entorno inmediato. Por ello, el estudio espacial de la distribución de una enfermedad, o mortalidad de una población, es una aproximación básica a sus posibles causas. De manera habitual, la casuística de las enfermedades se registra en áreas geográficas determinadas administrativamente, como son las provincias y, en menor medida, los municipios. Estos métodos de codificación geográfica de los eventos relacionados con la salud se emplean en la mayor parte de los países. El resultado es que problemas específicos que ocasionan agrupaciones (clusters) de casos de enfermedad no pueden ser investigados a menos que su tamaño y límites geográficos coincidan con las unidades espaciales en las que fueron codificados. Esta es una limitación reconocida desde hace muchos años (López-Abente G e Ibañez C., 2001), por ello se están incorporando los sistemas de información geográfica en muchísimos ámbitos de información gubernamental, y entre ellos, se encuentran las bases de datos ganaderas, como son en España las distintas aplicaciones SIGA (Sistema de Información Geográfico Agrario), SIPAC (Sistema de Información Geográfica de parcelas agrícolas) y SIGMAPA (Sistema de Información Geográfica del Área del Medio Rural y Marino).

Un sistema de información geográfica (SIG o GIS del inglés: Geographic Information System) se define en el diccionario de términos de información geográfica de la Universidad de Edimburgo como: Un sistema de computación para capturar, almacenar, controlar, integrar, manipular, analizar y mostrar datos relacionados con posiciones sobre la superficie terrestre. Proporcionan una herramienta muy útil en los estudios epidemiológicos, ya que permiten analizar los eventos de manera espacial asociándolos a las diferentes características de cada zona. Una de las funciones más habituales de los SIG es crear mapas, en los que se pueden representar a la vez varias capas o estratos superpuestos, que representan distintos objetos espaciales, en forma de polígonos, puntos o bien cuadrículas de datos (denominados estos últimos grid o



raster), como pueden ser, municipios, explotaciones ganaderas, o mapas de superficie de temperatura respectivamente. Cada objeto presente en un mapa está ubicado en una posición definida (georeferenciado). Estas representaciones gráficas de mapas permiten visualizar la distribución de una enfermedad, así como las exposiciones ambientales. Dichas representaciones gráficas, deben ser analizadas estadísticamente para transformar una percepción visual en algo objetivo. Para ello los SIG, como por ejemplo el programa informático ArcGIS (ESRI ®), incorporan algunas herramientas que facilitan la realización de un análisis espacial estadístico que permite sacar conclusiones de los datos georeferenciados. Algunas de estas técnicas son por ejemplo la interpolación de un suceso a una superficie en base a la distancia a partir de un valor (por ejemplo, mayor probabilidad de brote cuanto más próximo se esté al mismo), la identificación de la correlación espacial de los eventos mediante el test de Moran, la estimación de la densidad y su transformación en una superficie de datos basada en cualidades no espaciales de los eventos mediante el estadístico de Kernel, etc. Los resultados obtenidos de estos análisis se pueden utilizar posteriormente en la elaboración de modelos de enfermedades que permiten recrear la dinámica de una enfermedad.

## **2.5. B. Modelos de enfermedades infecciosas animales:**

La modelización de enfermedades infecciosas permite, mediante simulaciones que recrean la dinámica de las enfermedades, la predicción de eventos infecciosos y sus consecuencias, ayudando a la interpretación de los datos, al diseño de experimentos y a la elección de estrategias de control. La base de esa predicción esta basada en experiencias anteriores analizadas mediante métodos estadísticos y en los conocimientos fundamentales acerca del comportamiento de una enfermedad en una determinada población, en una determinada especie, en un determinado tipo de granja, etc. (De Jong *et al.*, 2009, OIE). El diseño de estrategias para el control de enfermedades infecciosas animales está basado en la información cuantitativa de la dinámica de transmisión de la enfermedad en diferentes condiciones. Estas condiciones incluyen escenarios en los cuales se produce la combinación de diferentes características de las explotaciones, de las especies, de las patologías y de las medidas de control adoptadas. Así, la elaboración de modelos se utiliza siempre que hay una necesidad de extrapolar de las condiciones actuales o anteriores.

Basándonos en las clasificaciones de Taylor (2003) los aspectos de este estudio en los que resulta importante diferenciar los modelos son:

### **1. EN FUNCIÓN DEL OBJETIVO:**

**1.1. Modelos de riesgo de introducción:** Describen cualitativamente o cuantitativamente el riesgo de introducción de una enfermedad en una población a través de determinadas rutas (vías de riesgo de entrada).

**1.2. Modelos de análisis de factores de riesgo:** Cuantifican la asociación entre presencia de una enfermedad, mortalidad, u otras variables y factores de riesgo para la enfermedad según sus posiciones relativas en el espacio.

**1.3. Modelos de transmisión:** Modelan la dinámica de transmisión de una enfermedad en una población. La unidad puede ser un animal o un grupo de animales, como son los rebaños o explotaciones. Por lo tanto un modelo puede considerar la difusión de la enfermedad entre individuos o entre un conjunto de grupos. Los cambios de estado de la unidad de análisis utilizada (animal, explotación) de susceptible a infeccioso es analizado mediante los modelos SEIR (Siglas de Susceptible-Expuesto-Infeccioso-Recuperado) basados en el modelo de Reed-Frost.

**1.4. Modelos económicos:** Describe el modelo de producción y el uso de los recursos agregando los valores económicos. Los modelos económicos pueden ser añadidos a la enfermedad o la población o a los modelos de transmisión, de forma que los costes de los recursos se puedan asignar al resultado final del modelo.

**1.5. Otros modelos especializados** en detalles particulares, como los modelos climáticos y de flujo de aire para modelar la transmisión aérea de agentes patógenos

## **2. EN FUNCIÓN DEL TRATAMIENTO DE LA PROBABILIDAD:**

**2.1. Modelos determinísticos:** Asignan un valor medio o más probable a todos los parámetros que se evalúan y producen una sola salida o resultado para cada escenario.

**2.2. Modelos estocásticos:** Incluyen la variabilidad y el efecto del azar en el método. Son modelos cuyo análisis se ejecuta en varias ocasiones y produce una gama de resultados para cada conjunto de valores de entrada (escenario), lo que refleja la influencia de eventos al azar y la variabilidad de la naturaleza en el resultado final. Esto proporciona una mayor información del riesgo de acierto o equivocación en la toma de decisiones.

## **3. EN FUNCIÓN DEL TRATAMIENTO DEL TIEMPO:**

**3.1. Tratamiento del tiempo continuo:** El resultado del modelo se calcula en cualquier momento del futuro, mediante un conjunto de ecuaciones diferenciales que representan la tasa de cambio de los parámetros en el modelo con respecto al tiempo. Una de las debilidades de este tipo de modelos es que puede ocurrir que existan parámetros dentro del modelo que no varían con el tiempo (Thrusfield y Gettinby, 1984). La otra es que la complejidad de estos modelos los hace de difícil entendimiento en ámbitos no matemáticos.

**3.2. Tratamiento del tiempo en intervalos discretos:** En estos modelos se simulan los cambios que tienen lugar en el sistema de modelado de una unidad de tiempo a la siguiente (por ejemplo, días, semanas). Las ventajas de este tipo de modelo son que tienen una mayor simplicidad, que permite a la vez el cambio de ciertos parámetros por unidad de tiempo, pudiendo modelarse los efectos de diferentes temporadas, y otra ventaja es que al fraccionar la simulación en una serie de pequeños pasos, el marco lógico del modelo es por lo general más fácil de entender en todos los ámbitos, lo cual es decisivo cuando la aplicación final de los modelos va a ser el apoyo en una toma de decisiones.

#### **4. EN FUNCIÓN DEL TRATAMIENTO DEL ESPACIO:**

**4.1. Modelos no espaciales:** No asumen el espacio en su simulación. La modelización de las enfermedades en diferentes poblaciones asume que los miembros de la población están mezclados de manera homogénea, y sólo el tamaño de la población es importante y no las relaciones espaciales entre los animales.

**4.2. Modelos espaciales:** Asumen el espacio en su simulación. Estos modelos incorporan la dimensión espacial en sus simulaciones, pudiendo asumir la estructura de contacto entre poblaciones animales. El término "estructura de contacto, se refiere al hecho de que los contactos entre los animales no son completamente al azar, sino que se determinan por sus posiciones relativas en el espacio.

Mediante estas cuatro clasificaciones podemos situar los modelos desarrollados en este estudio, que podrían definirse como tres modelos de transmisión o difusión de la IAAP (Modelos I, II y III) entre explotaciones aviares. Dos de ellos son de tipo determinístico (Modelo I y III), y el Modelo II se ha realizado de manera estocástica. Todos ellos son modelos espaciales, el Modelo I es atemporal y los Modelos II y III asumen el tiempo en intervalos continuos.

### **2.5. C. Epidemiología espacial en estudios epidemiológicos sanitarios veterinarios: Aplicaciones en Influenza aviar.**

La dinámica de la IAAP ha sido estudiada a través de diversos estudios de epidemiología espacial que permiten un mayor entendimiento y control de la enfermedad. Uno de los estudios más decisivos en aves domésticas de la cepa H5N1 fue el de Pfeiffer *et al.*, (2007) en el que a través de un análisis espaciotemporal de la IAAP en Vietnam, se identificaron como factores de riesgo de difusión el aumento de la producción y los mercados antes del festival de Têt (muy famoso en esa región). Los sistemas agrícolas que combinan la producción de arroz, aves acuáticas domésticas y granjas en deltas de ríos, y posiblemente la acuicultura también mostraron ser factores de riesgo significativos. Este

estudio resalta las diferentes medidas de control que deben adoptarse en los países asiáticos y el diferente marco agrícola que representa con respecto a la Unión Europea.

Dentro de Europa se han realizado diversos modelos basados fundamentalmente en las epidemias de IAAP en aves domésticas causadas por H7 en Holanda, Bélgica e Italia (Garske *et al.*, 2007), y por H5N1 en los brotes más recientes que han sido objeto de estudio y modelizaciones en diversos países como Rumania (Ward *et al.*, 2008, 2009ab), Reino Unido (Snow *et al.*, 2007; Sharkey *et al.*, 2008) y España (Martínez *et al.*, 2009; Sánchez-Vizcaíno *et al.*, 2010; Iglesias *et al.*, 2010a). Así mismo, se han aplicado al estudio de H5N1 en aves silvestres, tanto en Europa en general (Martínez *et al.*, 2008, Iglesias *et al.*, 2010bcd), como en Les Dombes en Francia (Simon *et al.*, 2006), en Dinamarca (Preben *et al.*, 2010) y en España (Martínez *et al.*, 2009 y 2010). El riesgo de introducción de la influenza aviar altamente patógena en Europa ha sido analizado por el Panel de Expertos en Sanidad y Bienestar Animal de la EFSA (European Food Safety Authority) en mayo de 2006 y actualizado en Junio del 2008 (EFSA 2006, EFSA 2008). En él se reflejan y analizan como las vías más importantes de entrada y difusión en un país europeo las aves silvestres migratorias y el comercio de aves vivas legal e ilegal.

A continuación se describen los modelos Europeos en aves domésticas considerados más relevantes en cuanto a la aplicación de sus conclusiones en el presente documento:

**En Italia** la epidemia causada por el virus H7N1 BP que mutó a AP difundiéndose entre las granjas en el norte de Italia ha sido analizada por Mannelli *et al.* (2006) mediante modelos logísticos lineales para evaluar la asociación entre los factores de riesgo y la presencia de brotes, obteniendo valores significativos en la proximidad de granjas y en las granjas de mayores tamaños. Posteriormente, Mannelli (2007) determinó la tasa de transmisión ( $R_0$ ) entre granjas sin tener en cuenta el espacio entre ellas. Mulatti *et al.* (2007) también analiza el efecto de proximidad de granjas cuantificando las agrupaciones espaciales y temporales de los casos, reafirmando la importancia de la proximidad de las granjas en la difusión de la IAAP. En esa misma epidemia, Busani *et al.* 2009 identificó los factores de riesgo mediante una regresión de Cox, categorizando las especies, tipos de producción, tamaño de la granja, efectividad de las medidas de control, la altitud y la cercanía a un brote.

**En Holanda** se han utilizado varios modelos de transmisión entre granjas y dentro de una misma granja o nave, a partir de los parámetros de la epidemia del virus H7N7 IAAP en 2003, en especial, la mortalidad diaria y la densidad aviar (Bos *et al.*, 2007 y 2009; De Jong y Hagenaars, 2009; Boender *et al.*, 2007 a y b). Boender *et al.*, (2007 a y b) identifica áreas de alto riesgo, basándose en una densidad Kernel que determina la probabilidad de transmisión del patógeno desde granjas infectadas a no infectadas como una función de la distancia entre granjas. Este análisis determina el patrón espacial de las explotaciones agrarias y demuestra que hay dos áreas de densidad aviar en Holanda definidas como conjuntos de explotaciones con transmisión de

unidad potencial superior. Esta misma epidemia fue analizada por Stegeman *et al.* (2004) mediante el análisis de la variación de la tasa de transmisión entre granjas ( $R_h$ ) cuyos resultados sugieren que la interrupción de los ciclos y el sacrificio masivo que tuvo lugar para controlar esta epidemia, era necesario para disminuir la difusión de la enfermedad, aunque posteriormente otros estudios rebatieran estas afirmaciones. Thomas *et al.* (2005) analizó diversos factores de riesgo determinando que la epidemia tenía mayor poder de difusión en las granjas de ponedoras debido al mayor número de contactos que presentan estas granjas en comparación con las de broiler.

**En Rumania**, se ha estimado la  $R_0$  (tasa de transmisión) en aves domésticas durante una de las olas epidémicas de H5N1 AP en 2006 (Ward *et al.*, 2009a) basada en la cercanía a brote. Sin embargo, este modelo no sería extrapolable en zonas con unas características productivas diferentes o con menor probabilidad de contacto entre aves domésticas y silvestres, como es España.

Estos modelos desarrollados se han utilizado para el aprendizaje a partir de la observación de los brotes de IAAP y la estimación del impacto de unas medidas de control particulares como son los modelos de Stegeman *et al.*, (2004), Mannelli *et al.*, (2006) y Boender *et al.*, (2007<sup>a</sup>) mediante modelos que incorporan pocos parámetros estimados estadísticamente a partir de las estadísticas de las epidemias observadas.

Otros modelos como el de Le Menach *et al.* (2006) y Garske *et al.* (2007) utilizan los parámetros de la literatura y estimaciones de parámetros de un conjunto de datos a los que ajustan su modelo (calibración) y comparan dicho ajuste con sus datos (validación). Estos modelos suponen que la cuantitativa de brotes previos en otras áreas o países, pueden ser de utilidad en la modelización o transmisión del riesgo en otras zonas. Esta premisa se pone en práctica en los modelos elaborados en nuestro estudio.

Los modelos realizados para IA en Reino Unido, se han basado en parámetros estimados a partir de literatura o de un conjunto de datos disponibles. Sin embargo, la forma final de esos modelos no se valida, ya que se elaboraron en un área donde aunque ha habido brotes puntuales, nunca hubo epidemias, al igual que en España. El objetivo de estos estudios es ponderar las características específicas de la situación de Reino Unido con respecto al riesgo de difusión y a las posibilidades para el control de la epidemia, (Snow *et al.*, 2007, Sharkey *et al.* 2008, y Dent *et al.* 2008) como ocurre en los modelos que se van a presentar en este trabajo.

## 2.5. D. Modelización del riesgo de influenza aviar en España

Como se ha descrito en el apartado **2.3.A.**, en España sólo se han producido sólo dos brotes de IAAP, y es destacable el hecho de que ninguno de los dos se ha difundido. El primero en 2006 fue un caso aislado de un ave silvestre, y los sistemas de vigilancia tanto

activa como pasiva del Ministerio no detectaron más individuos afectados en las áreas colindantes. El segundo brote notificado en aves domésticas en 2009, afectó a dos de las cuatro naves de una explotación, sin presentar difusión a las dos naves restantes ni a las 12 granjas avícolas existentes en un radio de 12 Km. La evolución de ambos brotes nos da una idea del escenario de alta tecnología y bioseguridad del sector avícola español.

El riesgo de introducción de la IAAP en Europa ha sido analizado por el comité de expertos de la EFSA (European Food Safety Agency), como se ha comentado en el apartado anterior, destacando como las vías más importantes de entrada y difusión en un país europeo **la entrada a través de aves silvestres migratorias y el comercio de aves vivas legal e ilegal**. En España el riesgo de introducción de la IAAP por ambas vías ha sido analizado y modelizado en diversos estudios (Martínez *et al.*, 2008, 2009, Iglesias *et al.*, 2010a; Sánchez-Vizcaíno *et al.*, 2010).

**Introducción de la IAAP por aves silvestres migratorias:** España acoge cada año más de 1.500.000 aves acuáticas migratorias invernantes, procedentes en su mayoría del norte de Europa y es también un importante destino para la reproducción de aves procedentes sobre todo de África. Este hecho puede suponer un importante riesgo de introducción de la enfermedad en el país ya que muchas de ellas llegan de zonas que han sufrido brotes de IAAP en aves silvestres aumentando la probabilidad. El contacto directo de cualquier ave migratoria con nuestras aves domésticas, o el contacto indirecto, a través de otras especies silvestres sedentarias que pueden actuar como puente, pueden constituir una vía de entrada y por tanto debe ser considerado un factor de riesgo (Muñoz *et al.*, 2006).

En el estudio de Martínez *et al.* (2008 y 2009) se identifican las áreas de mayor riesgo de entrada en España de la IAAP a través de aves silvestres migratorias, valorando: la ocurrencia de brotes de IAAP, las características climáticas relacionadas con la supervivencia del virus en el medio, la congregación de aves silvestres en Europa y el periodo de excreción en relación a la duración de los movimientos de las especies silvestres. En las áreas identificadas, se contemplan la consecuencia en el sector avícola (**Figura 31**) siendo Ávila, Coruña, Extremadura, Gerona, Valencia, Vizcaya y Zamora las provincias de mayor riesgo (Martínez *et al.*, 2009). Otro interesante resultado de este estudio es la identificación de las especies invernantes de mayor riesgo relativo de introducción de IAAP en nuestro país, que son la gaviota reidora (*Larus ridibundus*), la cerceta (*Anas crecca*) y el ganso común (*Anser anser*).

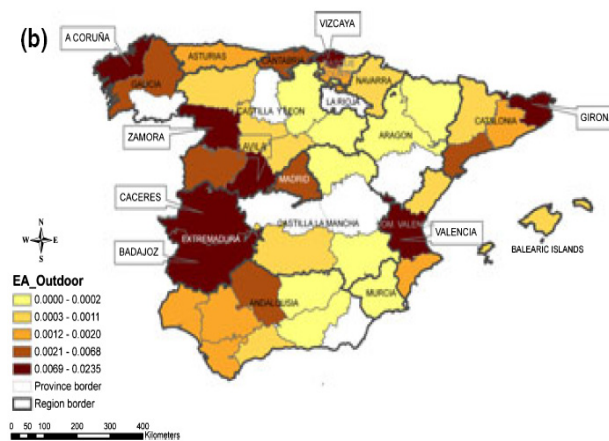


Figura 31. Estudio semicuantitativo del riesgo de introducción en España a través de aves silvestres (Marfínez *et al.*, 2009)

**Introducción de la IAAP por comercio de aves vivas:** La introducción de la IAAP en España a través del comercio de aves vivas considerando las probabilidades de que el país de origen esté infectado, que un ave sea seleccionada para su importación, que dicha ave sobreviva a la infección, al transporte y a la cuarentena y que no sea detectada como infectada en ninguno de estos pasos, muestra unos valores de riesgo medios por provincia (Sánchez-Vizcaíno *et al.*, 2010) en los que CyL presenta una gran variedad en sus provincias. La diferenciación de dicho riesgo por especie productiva identifica a Valladolid y Salamanca como provincias de alto riesgo por la importación de ponedoras (Figura 32), y en cuanto a la importación de broilers, las provincias de mayor riesgo fueron Alicante y Gerona (Figura 33) (Iglesias *et al.*, 2010a).

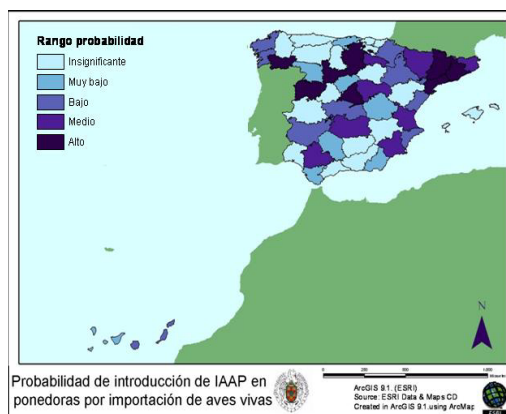


Figura 32. Probabilidad media de entrada de Influenza aviar por importación de ponedoras

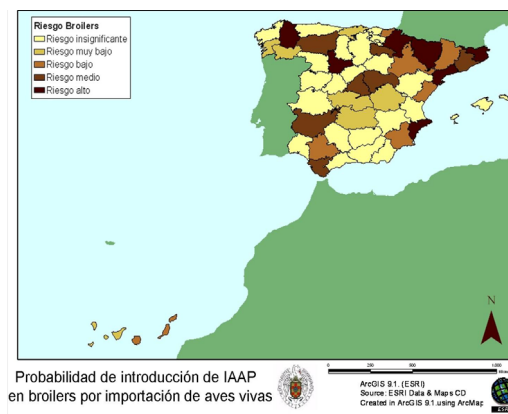


Figura 33. Probabilidad media de entrada de Influenza aviar por importación de broilers

Estos estudios nos muestran las áreas de mayor importancia en cuanto a la introducción de la IAAP en nuestro país por diversas vías, sin embargo, no se han elaborado estudios de la difusión ni de las consecuencias de la misma en España.

## JUSTIFICACIÓN Y OBJETIVOS

---





### 3. JUSTIFICACIÓN Y OBJETIVOS

#### 3.1. Justificación

Como se ha descrito en introducción, la IAAP es una de las enfermedades víricas más relevantes de cuantas afectan a las especies aviares domésticas y silvestres, debido a su alto poder de contagio y su alta tasa de mortalidad. Estas características unidas a las enormes pérdidas económicas que ocasiona en los países afectados, tanto directas como indirectas, la convierten en uno de los objetivos principales de los planes de vigilancia de enfermedades aviares del MARM para evitar su entrada y difusión en nuestro país. Por ello, se ha considerado la modelización de esta enfermedad como ejemplo significativo y de alta aplicabilidad para evaluar el impacto de su difusión en el sector avícola.

España está situada entre las tres primeras industrias avícolas más importantes en la UE, siendo el sector avícola una de las principales economías ganaderas a nivel nacional. Dentro de nuestro país, CyL es una de las Comunidades Autónomas con una mayor importancia en la industria avícola, consecuentemente, la incursión de una enfermedad de las características de la IAAP en esta zona supondría importantes pérdidas para el sector avícola nacional, convirtiéndola en una de las zonas diana más importantes en cuanto a la aplicación de planes de prevención frente a enfermedades aviares.

Diferentes estudios han demostrado que CyL cuenta con provincias de máximo riesgo para la introducción de la IAAP a través de dos de las vías consideradas más importantes, que son el contacto con aves silvestres (Martínez *et al.*, 2009) y el comercio de aves vivas (Sánchez-Vizcaíno *et al.*, 2010). Sin embargo, por su amplitud y diversidad provincial también comprende provincias de medio y bajo riesgo, lo que facilita el estudio en una misma región de diferentes escenarios de riesgo permitiendo un mejor ajuste de un modelo. Estos dos hechos, junto con la alta calidad y definición de los datos disponibles de la industria avícola en CyL (puesta a nuestra disposición por la Junta de Ganadería de CyL) y de sus espacios naturales (concedida por la Dirección General del Medio Natural y la Confederación hidrográfica del Duero), han sido los motivos por los cuales se ha seleccionado la comunidad autónoma de CyL como modelo para el desarrollo de la metodología, análisis realizados y resultados obtenidos que se expondrán en este estudio.

## 3.2. Objetivos

El objetivo principal de este estudio es la elaboración de un modelo de riesgo de la difusión de la IAAP en España, adaptado a los diferentes tipos de avicultura presentes en nuestro país. Se pretende obtener una herramienta y unos resultados útiles y aplicables para la prevención y el control de la difusión de la IAAP, así como el desarrollo de una metodología base para futuras aplicaciones a otras enfermedades avícolas.

El objetivo concreto de la tesis ha sido el desarrollo de un modelo de difusión de la IAAP en el marco del escenario avícola de España, utilizando como ejemplo la comunidad autónoma de CyL para facilitar su comprensión. Para una mayor precisión del modelo, se han desarrollado diferentes metodologías con variaciones ajustadas a los diferentes escenarios avícolas existentes en nuestro país, por ello, se puede dividir el objetivo principal en diferentes sub-objetivos, que serían:

- 1.** Desarrollo de un modelo espacial de zonificación del riesgo de difusión de la IAAP en gallinas industriales (Modelo I) a partir de factores de riesgo de cada explotación.
- 2.** Desarrollo de un modelo de difusión dinámico estocástico que simula una epidemia de la IAAP en gallinas industriales (Modelo II) y que complementa el modelo anterior identificando la dinámica de una epidemia y analizando sus consecuencias.
- 3.** Desarrollo de un modelo espaciotemporal de zonificación del riesgo de difusión de la IAAP (Modelo III) en gallinas de autoconsumo y avicultura complementaria (ACGA), con una metodología similar al Modelo I y a la que se añade la incorporación de factores de riesgo medioambientales.
- 4.** Desarrollo de un modelo para la identificación de humedales de riesgo frente a la ocurrencia de la enfermedad (Incluido dentro del modelo III), para el estudio de su influencia en la difusión del virus a través de aves silvestres.

## MATERIAL YMÉTODOS

---



## 4. MATERIAL Y MÉTODOS

### 4.1. MATERIAL

#### 4.1.A. Datos de las explotaciones y movimientos avícolas de CyL

Los datos de las explotaciones avícolas empleados en todos los procesos analíticos presentados en este documento, han sido proporcionados por el Servicio de Sanidad Animal de la Dirección General de Producción Agropecuaria de la Junta de Castilla y León y proceden del Registro General de Explotaciones Ganaderas (REGA) para el año 2008. La información de cada explotación utilizada a lo largo del trabajo se muestra en la **Tabla 12**. En los análisis se han utilizado los centroides de cada explotación, es decir las coordenadas medias geográficas (x e y) del polígono que ocupa cada explotación.

El código de explotación ganadera (CEA)
Censo (número de cabezas de animales)
Estado en el registro (alta, inactiva o baja).
Indicación de si se trata de autoconsumo o no.
Especie.
El polígono que conforma la superficie de cada explotación
Clasificación zootécnica: carne, huevos
Clasificación según el sistema productivo: intensivo, extensivo o mixto
<b>Tabla 12. Información REGA para cada una de las explotaciones avícolas de CyL. Empleada en los análisis, facilitada por el Servicio de Sanidad Animal de la Dirección Agropecuaria de la Junta de CyL.</b>

Los datos de bioseguridad de las explotaciones proceden de las encuestas de bioseguridad realizadas por el MARM en explotaciones de gallinas industriales en CyL durante 2008. Los datos han sido proporcionados por la Subdirección General de Sanidad Animal del MARM. Estas encuestas se realizan de manera individualizada en cada granja, con un modelo diferente para explotaciones de gallinas reproductoras, ponedoras o broilers.

El estudio de los datos de los movimientos avícolas anuales de aves vivas dentro de CyL se ha elaborado a partir de la base de datos autonómica de Identificación y Registro de movimiento Animal (IRMA; BOCyL.-N.º 43 Miércoles, 4 de marzo 2009) que recoge el registro de los movimientos de aves vivas en CyL. Estos datos han sido proporcionados por el Servicio de Sanidad Animal de la Dirección General de Producción Agropecuaria de la Junta de Castilla y León.

#### 4.1.B. Datos de los humedales de CyL

Se creó una base de datos propia en Microsoft® Access 2007 con un total de 234 humedales que unificaban la información procedente de las diferentes bases de datos de zonas húmedas existentes en CyL, para la identificación de su localización y de sus

características ambientales y biológicas. Para ello utilizaron las siguientes bases de datos y consultas:

- Catálogo de zonas húmedas de Castilla y León (1993) publicado por la Junta de Castilla y León. El Catálogo de Zonas Húmedas de Interés Especial fue aprobado por el Decreto 194/1994, de 25 de agosto, e incluyó una primera relación de 118 zonas húmedas. Posteriormente se incorporaron 179 nuevas zonas húmedas, por lo que actualmente Castilla y León cuenta con 297.( Ampliación del catálogo de zonas húmedas de Castilla y León, 2000a,b,c,d,e,f,g,h,i)
- Base Documental de los Humedales Españoles (BDHE, versión 4, abril de 2006) elaborada por el Ministerio de Medio Ambiente. Cuenta con 309 fichas de humedales en Castilla y León
- Base de datos de los Censos de aves acuáticas en los humedales de Castilla y León realizados anualmente por la SEO (Sociedad Española de Ornitología): Recuentos anuales de aves acuáticas con la localización geográfica de las zonas húmedas de importancia para estas especies.
- Catálogo limnológico de las zonas húmedas esteparias de la cuenca del Duero (Alonso y Comelles, 1988).
- Datos públicos y solicitados de los embalses de la Confederación Hidrográfica del Duero (Chduero, 2009).
- Consulta a los Jefes de Sección de Espacios Naturales correspondientes a las 9 provincias de CyL para realizar una comprobación de la calidad de los datos existentes y para ampliar la información en aquellos humedales en los que no hubiera registros de salinidad, así como la situación actual de los mismos (Consultas realizadas durante los meses de Enero, Febrero y Marzo del 2009 a través de correo electrónico).

#### **4.1.C. Programas informáticos utilizados en los análisis**

Los análisis espaciales descritos a lo largo del documento, así como la representación geográfica de los datos empleados y de los resultados obtenidos en mapas se ha realizado utilizando el programa informático ArcGIS versión 9.3. (ESRI®).

Los análisis para la detección de agrupaciones espaciales o espaciotemporales mediante las técnicas de escaneado espacial de Kulldorf, se han realizado mediante el programa informático de libre distribución Sat Scan v.8.0.

El estudio de los movimientos comerciales de aves vivas se ha realizado mediante un análisis de redes utilizando el programa informático de libre distribución Pajek 2.0.

Todos los análisis que implicaban localizaciones geográficas se realizaron en la proyección UTM del huso 30 (ED\_1950\_UTM\_Zone\_30N).

El modelo dinámico estocástico (Modelo II) se diseñó en el programa Interspread Plus (IS+, Versión 2.001.8, 2009 Massey University).

Los análisis estadísticos fueron realizados con los programas, SPSS (SPSS 15.0. ® 2006 Inc.), Excel (Microsoft® Office Excel 2003), @Risk5.5. (Palisade Corp©) y a través del lenguaje informático R (R.2.10.1.).



## 4.2. MÉTODOS

A continuación se desarrollarán los siguientes apartados de la metodología:

1. Modelo conceptual: Introducción a la metodología del modelo de difusión de IAAP en CyL.
2. Exploración de los datos de estudio:
  - 2.1. Estadística descriptiva espacial de la distribución, densidad y censo de las explotaciones avícolas de CyL.
  - 2.2. Descripción y análisis de los patrones de movimientos de aves vivas en CyL.
3. Descripción de los patrones de movimientos comerciales en explotaciones de gallinas industriales.

Posteriormente se presentará la metodología del desarrollo de los 3 modelos utilizados:

4. Modelo I o Modelo de zonificación de la difusión de la IAAP en gallinas industriales.
5. Modelo II o modelización dinámica y estocástica del riesgo de difusión en gallinas industriales.
6. Modelo III o Modelo de zonificación del riesgo de difusión de la IAAP en avicultura complementaria y gallinas de autoconsumo (ACGA).

#### 4.2.A. Modelo conceptual: Introducción a la metodología del modelo de difusión de IAAP en CyL.

Para el estudio de la difusión de la Influenza Aviar en CyL se ha desarrollado un modelo subdividido en tres modelos o fases con la finalidad de ajustar al máximo el análisis de este estudio a los diferentes tipos de explotaciones avícolas existentes en CYL y a la información disponible para cada uno de ellos (**Figura 34**); De tal manera que el modelo I y II se ha desarrollado en avicultura industrial y el modelo III en avicultura complementaria y gallinas de autoconsumo (denominadas a partir de ahora para agilizar la comprensión del texto "ACGA") :

**Modelos I y II en gallinas Industriales:** Las gallinas industriales, componen el 95,4% del censo aviar de CyL. La información para este sector avícola es muy amplia, lo que ha permitido la elaboración de un modelo de mayor desarrollo dividido en dos fases:

*Modelo I o de zonificación del riesgo de difusión:* es un modelo espacial anual, determinístico y semicuantitativo elaborado con una información detallada de datos individualizados por explotación para factores de riesgo intrínsecos a las explotaciones y que incluye movimientos comerciales entre explotaciones y a matadero. Los resultados identifican el riesgo de difusión por las áreas y tipos productivos de explotación.

*Modelo II o modelización dinámica del riesgo de difusión:* es un modelo espacial dinámico, estocástico y cuantitativo. Se ha elaborado a partir de distribuciones probabilísticas de cada uno de los factores de riesgo y parámetros asociados a una epidemia introducidos, que incluyen las características del virus, las medidas de contención legisladas en España, los patrones de movimientos comerciales, así como la experiencia de otros países, similares al nuestro, afectados por la enfermedad. Estos datos se han introducido por tipo de explotación. Se han simulado 100 epidemias en cada una de las explotaciones analizadas, obteniéndose unos resultados estocásticos que permiten identificar el número de granjas que infecta cada granja, el número total de granjas infectadas, los tiempos de detección y sacrificio, etc. es decir la evolución de una epidemia y las consecuencias de su difusión, de manera general y de manera particular en cada una de las zonas de riesgo identificadas por el modelo I.

**Modelo III o de zonificación del riesgo de difusión en gallinas de autoconsumo y avicultura complementaria (ACGA):** Como se ha descrito en la introducción (apartado 2.1.), las **gallinas de autoconsumo** son aquellas cuya producción se destina al consumo familiar, sin comercialización de sus productos, y la **avicultura complementaria** comprende la avicultura de especies avícolas diferentes a los pollos o gallinas. Ambos grupos de explotaciones unidos corresponden a un 4,6 % del censo de CyL. El Modelo III es un

modelo de zonificación del riesgo de difusión espaciotemporal, determinístico y semicuantitativo en el que se analizan de manera conjunta diversos sectores de la avicultura que presentan unas características de explotación similares ya que poseen una menor industrialización, censos inferiores con respecto al grupo de gallinas industriales y una mayor probabilidad de contacto con el exterior. Se incluyen en él factores de riesgo de difusión intrínsecos a las explotaciones así como medioambientales o extrínsecos.

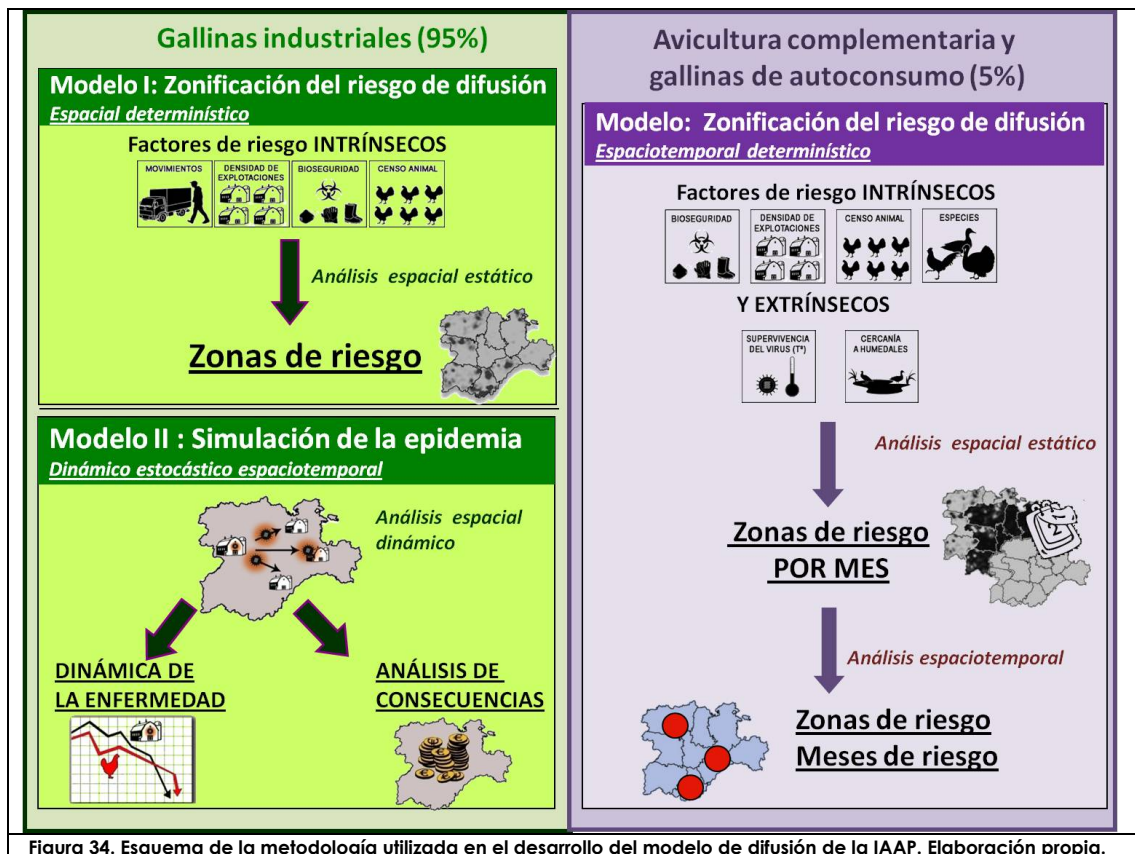


Figura 34. Esquema de la metodología utilizada en el desarrollo del modelo de difusión de la IAAP. Elaboración propia.

Para el desarrollo de los dos **modelos de zonificación (Modelo I y III)**, se han empleado métodos de **evaluación y decisión multicriterio (EMC)** para facilitar la evaluación del riesgo en las diferentes zonas del área de estudio. La EMC es un instrumento que reúne los diversos factores de riesgo, otros modelos evaluados, criterios de expertos, variaciones territoriales, etc. de tal forma que puedan converger todos los datos y desarrollar una evaluación del riesgo que tenga posibilidades de ser empleada en las decisiones de prevención de la difusión de la IAAP en el área de estudio.

El desarrollo metodológico del modelo de difusión estocástico (Modelo II) se realizó mediante el programa informático Interspread Plus CFE v2 (Copyright©2009 Massey University v.2.001.8), que permite diseñar y simular el desarrollo de una epidemia, utilizando las técnicas estadísticas de Monte Carlo mediante modelos SEIR mejorados que permiten la entrada y salida de las unidades epidemiológicas de estudio en los diferentes estadios de la epidemia. Para su desarrollo la simulación se ha repetido con inicio en todas las explotaciones de

gallinas industriales analizadas con el fin de disminuir al máximo la posible incertidumbre asociada al modelo.

El objetivo de estos modelos es reproducir la situación actual en cuanto a la difusión de una enfermedad simulando los cambios de los patrones en el tiempo y en el espacio en una población determinada, valorando para ello factores espaciales y atributos propios de cada explotación y en el caso del Modelo III también factores medioambientales. Para ello, se han analizado la importancia, distribución y disponibilidad de cada uno de los factores de riesgo de difusión en cada zona y explotación, para posteriormente ser introducidos en los 3 modelos elaborados. Previamente se ha realizado una exploración espacial y estadística de los datos (apartado 4.2.), que incluye un análisis de la distribución espacial de las explotaciones de estudio, una estadística descriptiva espacial de la densidad y censo de las mismas, así como un análisis espaciotemporal de los patrones de movimientos de aves vivas comerciales disponibles.

## 4.2.B. Exploración de los datos del estudio

### 4.2.B.1. Estadística descriptiva espacial y análisis de la densidad y censo de las explotaciones avícolas de CyL

#### *Estadística descriptiva espacial*

Se ha elaborado un estudio estadístico descriptivo espacial de la distribución de las explotaciones avícolas de CyL, así como un estudio espacial de la densidad y censos de las mismas. Para ello se analizaron todas las explotaciones avícolas de CyL censadas y en estado de alta en 2008 (REGA), que se localizan en 1000 de los 2300 municipios que conforman CyL. Primeramente se han analizado todas las explotaciones en general, y posteriormente separadas por especies y carácter de producción de la explotación (autoconsumo y no autoconsumo).

La estadística descriptiva espacial se ocupa de la exploración, la descripción, la visualización y el análisis de los datos. La representación geográfica de datos en epidemiología suele ser un paso previo al análisis y constituye una herramienta muy potente para el análisis exploratorio de los datos antes de proceder a su modelización o análisis permitiendo un acercamiento muy útil a la estructura que conforman los datos. Al igual que la estadística clásica, la estadística espacial consta de medidas básicas de tendencia central (la media) y medidas de dispersión (desviación estándar).

**Las medidas estadísticas** que se han utilizado para analizar la distribución de los centroides de las granjas han sido:

**La media espacial:** Es la media de las distancias de las coordenadas (x, y) de todos los centroides de las explotaciones avícolas analizadas. Se representa  $(\bar{X}, \bar{Y})$  Se ha calculado mediante la distancia Euclídea.

**La media especial ponderada:** Es la media de las coordenadas (x, y) de todos los centroides de las explotaciones avícolas analizadas pero basada en una cualidad numérica de las mismas. Se ha estimado ponderándola por el censo de cada explotación. También se ha calculado mediante la distancia Euclídea.

**La media de las distancias a los eventos vecinos:** Permite ver si existe agrupación en los datos. Si la media de la distancia de las explotaciones vecinas que se calcula dividiendo la distancia observada por la distancia esperada es inferior a 1, se considera que existe agrupación (Ebdon, 1985).

**Desviación estándar en elipse (SDV):** La desviación estándar espacial en elipse es una medida de dispersión de los eventos de estudio. Indica en qué grado están concentrados o dispersos los datos alrededor del centro geométrico o media geométrica del dato que utilizamos. De tal manera que permite ver si la distribución de las explotaciones abarca un área amplia o bien se encuentra compactada en una zona concreta, así como la orientación particular de la zona de distribución, es decir, el ángulo de inclinación de la elipse formada por la distribución. Para ello, utiliza el cálculo de la distancia Euclídea entre los datos, mediante la siguiente fórmula:

$$SD = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{X})^2}{n} + \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{Y})^2}{n}}$$

Donde  $SD$  = Desviación estándar,  $x_i$  e  $y_i$  son las coordenadas de la explotación ( $i$ ),  $\bar{X}$  e  $\bar{Y}$  representan la media central de las explotaciones y  $n$  es el número de explotaciones analizadas

La SDV viene definida por 3 parámetros:

**Angulo de rotación:** Es el eje que atraviesa la dispersión máxima

**Dispersión en el eje mayor:** Define la dirección de la dispersión máxima de la distribución, mediante el cálculo de la desviación estándar de los puntos a lo largo de este eje.

**Dispersión en el eje menor:** Es el eje perpendicular al mayor, y define la difusión menor, mediante el calculo de la desviación estándar de los puntos a lo largo de este eje.

**Desviación estándar en elipse ponderada (SDV):** El cálculo de la desviación estándar espacial puede dirigirse en función de la distribución espacial de una característica numérica de los datos que se están utilizando, que actúa como peso ( $w_i$ ) en la evaluación de la desviación. En este caso se utilizó para analizar la distribución del censo de las explotaciones, midiendo la dispersión alrededor de la media de censo (Lee y Wong, 2001). La fórmula es la misma que se utiliza en el cálculo de la SDV con la inclusión del valor del censo ( $w_i$ ) de cada explotación ( $i$ ).

$$SD_w = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n w_i (x_i - \bar{X})^2}{\sum_{i=1}^n w_i} + \frac{\sum_{i=1}^n w_i (y_i - \bar{Y})^2}{\sum_{i=1}^n w_i}}$$

En el estudios de SDV normal y ponderada, se ha utilizado la desviación estándar tipo I (SDV1) que realiza el cálculo para el 68% de los eventos de estudio.

### ***Análisis de la densidad de las explotaciones y de la densidad censal:***

La densidad de las explotaciones y de los censos de las mismas se ha analizado mediante el método de **densidad Kernel**, que evalúa la densidad de procesos puntuales (explotaciones aviares) en función de su localización espacial, creando una capa o superficie continua de valores ("raster"\*), que representa las explotaciones con un radio de influencia que se va suavizando con la distancia. Esta capa generada, tiene los valores superiores en la localización de cada explotación, y van disminuyendo conforme nos alejamos de ella. En las áreas donde se superponen radios de influencia de más de una explotación se adicionan los valores. La diferencia principal con la densidad normal puntual, radica en que para obtener una densidad normal, por ejemplo de 3 granjas en un municipio de 10Km<sup>2</sup>, el valor (granjas/superficie) sería homogéneo para toda la superficie. Sin embargo, la densidad Kernel, nos muestra una densidad heterogénea de superficie, basada en un mayor valor de la localización principal, pero sin limitarse a un valor puntual, ya que éste se va diluyendo o suavizándose, de manera proporcional a la distancia, permitiendo valorar superficies de densidad con valores ajustados a la distancia a las granjas.

La densidad Kernel ha sido calculada en celdas de un kilómetro cuadrado utilizando un radio de diez kilómetros de influencia. Los valores (en granjas o cabezas de animales por kilómetros cuadrado) se han clasificado en cuatro niveles mediante cuartiles y se han representado en mapas isopléticos.

Todos los cálculos descritos en este apartado, se han realizado mediante el programa informático ArcGIS 9.3 ESRI®. Utilizando las herramientas incluidas en "estadística espacial" y "análisis espacial"

\* Raster: Es una matriz de celdas o cuadrados de igual tamaño cada uno con un valor numérico en su interior. Al rasterizar los puntos (datos vectoriales) que representan cada granja, estamos transformándolos en una superficie continua de estructura de datos raster

#### 4.2.B.2. Descripción y análisis de los patrones de movimientos de aves vivas en CyL

Para describir y explorar el patrón general de los movimientos de aves vivas entre explotaciones y a matadero, se ha realizado un análisis exploratorio y un análisis espacio temporal de los mismos. Para ello se ha analizado la base de datos de movimientos IRMA descrita en Material. Debido a que el registro obligatorio de los movimientos de aves vivas no entró en vigor hasta el 30 de junio de 2009, según la Orden ARM/687/2009\*, los registros de años anteriores, no comprenden el 100% de los movimientos. Por este motivo, aunque se han analizado el total de los 12.096 registros de movimientos avícolas de los años 2008 y 2009, el segundo semestre del 2009 debe tenerse en mayor consideración.

El objetivo de este análisis fue detectar si existe algún patrón de movimientos significativo anual o espaciotemporal en los datos. Con el fin de obtener una identificación más precisa de los posibles patrones de movimiento, se han analizado por separado los **movimientos de entrada y los movimientos de salida**. Inicialmente se realizó un análisis exploratorio de los datos de manera descriptiva, y posteriormente, un análisis espacio temporal de dichos movimiento mediante el método de escaneo espacial de Kulldorff (1997). Este método, identifica áreas geográficas con inusual proporción de agrupamiento de eventos con respecto a un área geográfica circundante (Grillet *et al.*, 2009). Mediante el programa informático Sat Scan, se ha realizado el análisis espacio-temporal de los 12.096 registros de movimientos por municipio. Se ha utilizado el análisis de permutación que permite asumir que no se conozcan el 100% de los movimientos, debido al margen legal comentado anteriormente. La hipótesis nula ( $H_0$ ) es que los movimientos comerciales se distribuyen homogéneamente en tiempo y espacio con una misma probabilidad de ocurrencia en toda el área y todo el tiempo. El programa construye cilindros en todo el espacio de estudio, cuya base circular representa un espacio y su altura el tiempo, y computa el valor observado (número de movimientos) dentro del cilindro comparándolo con el valor esperado, que se basa en la  $H_0$  de que la distribución es homogénea en toda el área y tiempo analizados (Kulldorff, 1997). En aquellos cilindros en los que el valor observado sea significativamente superior al esperado se habrá identificado una agrupación o "cluster" de movimientos. Se han utilizado periodos temporales de 3 meses como máximo, así como ventanas espaciales de 50Km como máximo, con tiempos de agregación de 30 días. En la publicación 2 del Anexo II (Iglesias *et al.*, 2010b) se explica la metodología de este tipo de análisis de manera más extensa.

\* Orden ARM/687/2009 del 11 de marzo, por la que se modifica el anexo XI del Real Decreto 728/2007, de 13 de junio, y por el que se establece y regula el Registro general de movimientos de ganado (REMO) para aves de corral (incluyendo gallinas, pavos, pintadas, patos, ocas, codornices, palomas, faisanes, perdices y aves corredoras) sin incluir autoconsumo.



### 4.2.C. Modelo I. Zonificación del riesgo de difusión de la IAAP en explotaciones de gallinas industriales



El análisis de zonificación riesgo de difusión de la IAAP en gallinas industriales se ha realizado en las 669 explotaciones avícolas de gallinas industriales en estado de alta en 2009 y pertenecientes a CyL, considerándose las diferencias entre los tipos de explotaciones existentes en este sector industrial en función de su tipo de producción:

**Reproductoras** (64 explotaciones): Comprenden las gallinas de multiplicación y cría

**Ponedoras** (178 explotaciones): Comprenden las explotaciones de gallinas de producción para huevos

**Pollos de carne o broilers** (420 explotaciones): Comprenden las explotaciones de gallinas de producción para carne

**Incubadoras** (6).

El desarrollo del modelo completo comprende cuatro fases:

1. Análisis de los factores de riesgo
2. Zonificación: Unión de los valores de dichos factores para obtener un resultado por zonas.
3. Evaluación espacial de los resultados.
4. Análisis de sensibilidad: identificación de la influencia de cada factor en el modelo.

#### 4.2.C.1. Análisis de los factores de riesgo:

En los siguientes subapartados se define la metodología utilizada para la cuantificación de los factores de riesgo, todos ellos intrínsecos a las explotaciones. En este modelo no se han incluido factores medioambientales, ya que debido a la alta cualificación de la avicultura industrial en España, tienen una influencia mínima en el sector. Los factores de riesgo incluidos en el modelo y descritos a continuación, son:

1. Densidad y censo de las explotaciones
2. Bioseguridad asociada al tipo de explotación
3. Movimientos comerciales de aves vivas

#### 4.2.C.1.1. Densidad y censo de explotaciones de gallinas industriales.

El riesgo de difusión de las enfermedades aviares aumenta progresivamente en las áreas donde hay mayor densidad de explotaciones y censos más elevados, como se ha descrito en el apartado de factores de riesgo 2.5 (2.5.B y 2.5.C respectivamente).

##### **La densidad de las explotaciones de gallinas industriales**



Para analizar la densidad de las explotaciones en CyL se ha utilizado el método de estimación Kernel (descrito en el apartado 4.1.1. *Estadística descriptiva espacial y densidad*), y se han elaborado capas de superficie raster de los resultados con un tamaño de celda de 1 km<sup>2</sup> y un radio de 10 Km. de influencia. De esta forma, a cada explotación se le ha asignado el valor de la densidad de la celda donde se haya ubicada. Posteriormente, se han normalizado los valores (dividiendo por el máximo de todos ellos; Voogd, 1983), y añadiéndose el resultante como variable "densidad" (D) a cada explotación, para su posterior integración en el modelo.

Los valores de densidad se han representado en mapas isopléticos y mediante diagramas de caja. Dichos diagramas son gráficos basados en los cuartiles que aportan información sobre la simetría de la distribución y facilitan la definición de la distribución y de los datos atípicos (Peña y Romo, 1997).

##### **El censo de las explotaciones**



Para la cuantificación del riesgo de difusión derivado del censo, se han utilizado los rangos estimados por Busani *et al* (2009), en el estudio de la epidemia de IAAP en Italia en 1999-2000, el cual categoriza 4 rangos de riesgo en función de los valores de probabilidad de infección (**Tabla 13**).

Censo de la explotación (cabezas)	Probabilidad acumulada de infección (%)	Valor categorizado de riesgo
<10.000	8.2	0,28
10.000-30.000	18.3	0,62
30.000-50.000	22.2	0,75
>50.000	29.4	1

**Tabla 13. Categorías de riesgo en función del censo de las explotaciones en base al estudio de Busani *et al.*, 2009**

La probabilidad acumulada de infección se ha normalizado transformándose en los valores categorizados de riesgo cuya resultante ha sido añadida a cada explotación como variable "censo" (C), para su posterior integración en el modelo. La variable censo de las

explotaciones se ha representado en un mapa con simbología cromática y mediante diagramas de caja.



#### **4.2.C. 1.2. Bioseguridad asociada al tipo de explotación.**

La bioseguridad de las explotaciones, como se ha descrito en el apartado 2.5., es uno de los factores de riesgo más importantes en la difusión de enfermedades aviares en explotaciones industriales siendo inversamente proporcional al riesgo de difusión.

Para poder ponderar el valor de bioseguridad de las explotaciones se han analizado las encuestas de bioseguridad realizadas por el MARM en explotaciones de gallinas industriales en CyL durante 2008. Estas encuestas se realizan de manera individualizada en cada explotación. En ellas se puntúan cada una de las características de importancia en materia de bioseguridad y se obtiene un valor total por explotación comprendido en un rango entre 1-100. Las encuestas se realizan en: a) todas las explotaciones de reproductoras b) en todas las explotaciones de ponedoras de más de 1000 aves y c) en un 10% de las granjas de broilers, siempre de más de 5000 pollos. Se aplica un modelo de encuesta adaptado a cada uno de los 3 tipos de explotaciones (En el Anexo I se muestra el modelo de encuesta para broilers).

En total se recopilaron encuestas de 153 granjas, el 20% de las explotaciones de estudio. Los resultados obtenidos se extrapolaron a las explotaciones restantes atendiendo al tipo de producción (reproductoras, ponedoras o broilers) y dentro de cada tipo, a los diferentes rangos de censo de las granjas, ya que la bioseguridad y el censo de una explotación presentan una correlación asumible (Previamente se analizó dicha correlación mediante la Rho de Spearman).

En el caso de las incubadoras, en las cuales el MARM no realiza encuestas, se asumió una bioseguridad máxima correspondiente al valor máximo de las encuestas de reproductoras, basándonos en la bibliografía existente acerca de la bioseguridad en la avicultura española y a través de consultas a expertos en la materia.

Para la introducción del valor de bioseguridad en el modelo, se calculó el valor inverso del mismo, ya que la bioseguridad es inversamente proporcional al riesgo de difusión, y posteriormente se normalizó, añadiéndose el valor obtenido para la variable "bioseguridad" (B) a cada explotación para su posterior introducción en el modelo.



#### 4.2.C.1.3. Movimientos comerciales de aves vivas

Los movimientos de aves vivas entre explotaciones o a matadero, implican un riesgo directo para las explotaciones que introducen nuevos individuos así como un riesgo indirecto para las explotaciones cercanas a las áreas de paso de este tipo de transporte (Trock y Huntley, 2010), como se ha descrito en el apartado 2.5.E.

Para cuantificar el riesgo derivado de los movimientos comerciales de aves vivas en CyL, se realizó un análisis de redes de los movimientos a nivel municipal. Dicho análisis evalúa la intensidad en la red de movimientos de cada municipio. Este estudio se realizó a nivel municipal por dos razones: 1) reducir el efecto de la falta de información de datos de varios años de registros completos de movimientos (como se ha comentado en el apartado "4.1.2.", el registro de movimientos es de aplicación obligatoria desde junio del 2009, por ello registros de años anteriores no comprenden el 100% de los movimientos) y 2) debido a que en algunos casos la información disponible sólo estaba asociada a municipios. De esta manera, la ausencia de algunos datos no influye en la valoración relativa de la intensidad de cada núcleo o nodo de la red de movimientos, permitiéndonos una aproximación a la situación producida en 2008-2009 en los movimientos avícolas en CyL. El análisis de redes se ha elaborado mediante el programa informático de libre difusión Pajek v.5.0.

Los análisis de redes permiten evaluar las relaciones existentes entre un grupo de elementos, a los que se denomina nodos, que en este estudio son los municipios de origen y destino de los movimientos de aves. Las relaciones vienen identificadas por líneas unidireccionales (vectores) que representan el movimiento de los lotes de aves desde el municipio de origen al municipio de destino, y por tanto la intensidad en la relación entre los dos puntos. Mediante este análisis se han identificado aquellos municipios que tienen una mayor importancia en la red de movimientos. Para ello se valoran tanto el número de movimientos que realiza un municipio (mediante CT) como el número de diferentes contactos (NC) que tiene. Por ejemplo, se considera de mayor riesgo de difusión un municipio que envía 3 lotes de aves vivas a 3 municipios diferentes, uno a cada uno, que un municipio que envíe 3 lotes a un mismo municipio.

El riesgo de cada vértice en la red se cuantifica mediante:

$$\text{Riesgo del vector en la red} = RV = CT \times NM$$

Donde

**CT: El grado de centralidad total de esos vértices**, concretamente el grado de centralidad relativa de influencia (Wasserman y Faust, 1994). Así por ejemplo un vértice será "influyente" si de él salen muchos movimientos a granjas diferentes, mientras otro vértice puede tener elevado "soporte" si recibe muchos movimientos de granjas diferentes. El grado de centralidad total es la suma de ambos (CT).

$$CT(x) = \frac{D_I(x) + D_s(x)}{n-1}$$

Donde,  $CT(x)$  es el Grado de centralidad total,  $D_I(x)$  es el número de relaciones entrantes,  $D_s(x)$  el número de relaciones salientes y  $n$  el número de vértices totales en la red. Por tanto,  $n-1$  indica el número máximo posible de relaciones de la red.

**NM: El número de movimientos de cada vector**

De tal manera que se obtiene un valor de riesgo (**RV**) para cada uno de los municipios de CyL. Para la introducción del valor de movimientos en el modelo, se normalizaron los valores, y se ha añadido como variable "movimiento" ( $M$ ) a cada una de las explotaciones, aceptando un mismo valor de riesgo de movimiento para todas las explotaciones de un mismo municipio.

## 4.2.C.2. Unificación de capas, zonificación del riesgo y evaluación del resultado

### 4.2.C.2.1. Unificación de capas

Los factores de riesgo evaluados (Bioseguridad, densidad de las explotaciones, censo y movimientos de aves vivas), se han integrado en el modelo mediante una evaluación multicriterio (EMC), a través del producto de los factores de riesgo (Gómez y Barredo, 2005).

$$RE_i = D_i * C_i * B_i * M_i$$

Donde

RE<sub>i</sub>: Riesgo de explotación (i)

D<sub>i</sub>: Densidad Kernel explotaciones

C<sub>i</sub>: Censo normalizado de cada explotación.

B<sub>i</sub>: Bioseguridad de cada explotación

M<sub>i</sub>: Movimientos comerciales de aves vivas

obteniéndose un valor de RE por explotación "i".

### 4.2.C.2.2. Zonificación del riesgo

Los resultados del riesgo de difusión de la IAAP obtenidos para cada explotación se han transformado en una raster suavizado mediante la técnica Kernel para visualizar la zonificación del riesgo. Las zonas de mayor difusión resultantes se han clasificado en 4 niveles mediante cuartiles (muy alto, alto, medio y bajo) y se han representado en un mapa cloroplético.

### 4.2.C.3. Evaluación espacial de los resultados

La evaluación espacial de los resultados tiene como objetivo identificar si los resultados presentan correlación espacial y determinar en qué zonas se concentra. Para ello se ha empleado el test de la I de Moran, que indica estadísticamente si existe correlación espacial, indicándonos en qué grado están asociados espacialmente los resultados de riesgo de difusión (Griffith, 1987) es decir, si los valores de riesgo de localidades cercanas tienden a ser similares con una relación de mayor similitud a mayor cercanía geográfica. El test da

como resultados los valores de  $I$  de  $Z$  y de  $p$ . Un valor de  $I$  de Moran cercano a 1 indica agrupación, mientras que un valor cercano a 0 indica dispersión, sin embargo, sin tener en cuenta la significación estadística no tenemos ninguna base para saber si el valor se debe a algo más que el azar, por ello se calcula el valor  $Z$  (cuantifica la desviación estandar) y  $p$  (valora la significación de  $I$ ).

Si la correlación espacial fuera significativa, el siguiente paso sería identificar aquellas zonas con una concentración inusual del riesgo de difusión a nivel municipal. Estas zonas se denominan zonas de focos calientes o "Hot spots". Para su identificación se utilizó el estadístico de  $G_i^*$ -Ord Getis, que analiza los valores estudiando paralelamente las características de los municipios vecinos para determinar si las agrupaciones espaciales de los valores de difusión son altas o bajas (Getis y Ord, 1992). Un municipio de alto valor es interesante, pero no es considerado un foco caliente estadísticamente significativo, para ello, deberá tener tanto él como los municipios de su alrededor, altos valores de riesgo. Los resultados de este análisis se representan de manera gráfica mediante el valor de  $Z$ , que es la medida de desviación estandar a nivel municipal.

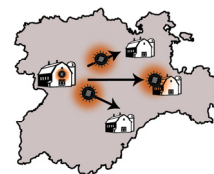
Los resultados se han evaluado espacialmente a nivel municipio, para expresar las conclusiones en una unidad con una mayor utilidad aplicativa.

#### 4.2.C.4. Análisis de sensibilidad

---

Para determinar la calidad predictiva del modelo  $I$ , se ha realizado un análisis de sensibilidad, que estudiará la estabilidad del proceso e identificará cuantitativamente la influencia de cada una de las variables en el resultado final. Para ello, se han analizado las distribuciones correspondientes a los valores de cada una de las variables del modelo en cada una de las explotaciones y la distribución resultante de su combinación, y mediante una simulación de Monte Carlo, se han ejecutado 10.000 iteraciones del modelo. Los diferentes valores tomados por cada factor de riesgo en el modelo son regresionados (variables independientes) frente al resultado del modelo (variable dependiente). Los resultados de este análisis indican mediante los coeficientes de regresión obtenidos para cada variable la influencia de cada una de las variables introducidas en el modelo final. Estos coeficientes se clasifican de mayor a menor, mostrándose así la incidencia de cada factor de riesgo, en forma de gráfico tornado. El análisis de sensibilidad se ha elaborado en un soporte Excell con el programa informático @Risk5.5. (Palisade Corp®).

#### 4.2.D. Modelo II: Modelo dinámico del riesgo de difusión de IAAP en explotaciones de gallinas industriales.



El estudio de difusión en gallinas industriales se continúa mediante una modelización dinámica que simula una epidemia de IAAP en las áreas de riesgo identificadas por el Modelo I, y que aporta una información complementaria acerca de la dinámica de la difusión, de los mecanismos de transmisión y de las consecuencias de una epidemia de IAAP.

##### 4.2.D.1. Soporte informático para la realización del modelo:

El modelo de difusión de la IAAP en gallinas industriales se ha realizado utilizando el programa informático Interspread Plus (IS+) Versión 2.001.8, 2009 Massey University, que permite modelizar la difusión de enfermedades simulando una epidemia que atiende a: las diferencias entre los tipos de explotaciones, localización, tipo de movimientos, medidas de vigilancia y control estipuladas, etc. El programa IS+ desarrolla un modelo estocástico de transición de estados cuya base es similar a los modelos SEIR (Susceptible-Expuesto-Infeccioso-Recuperado) con la mejora de que permite generar variaciones dentro de cada uno de los estados de transición (**Figura 35**).

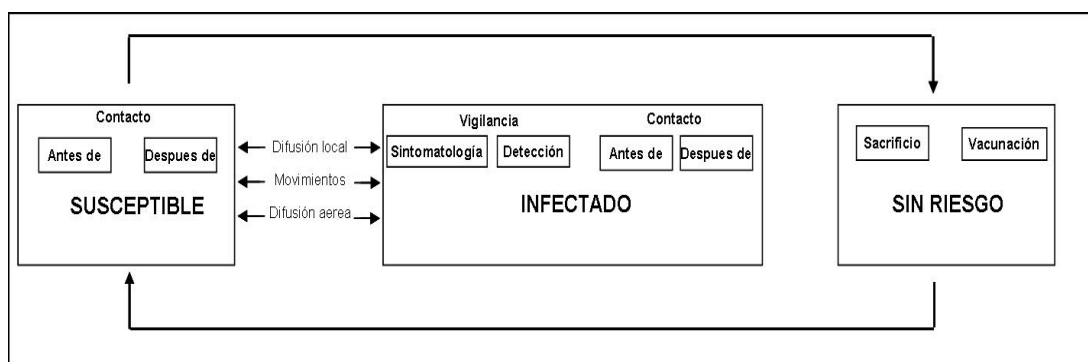


Figura 35. Diagrama de flujo de los distintos estados de transición de la enfermedad. Adaptado del manual de aplicación de IS+ (Disponible en <http://www.interspreadplus.com/>).

Para la realización del análisis se han introducido como características de la simulación más de 90 parámetros ajustados a la bibliografía existente y a las experiencias anteriores de países afectados con una avicultura similar a la nuestra (Resumidos en el Anexo III). Estos parámetros se agrupan en submodelos o apartados que podrían clasificarse en intrínsecos y extrínsecos a las explotaciones. Entre ellos cabe destacar:



Submodelos intrínsecos a las explotaciones:

- Datos de explotación: Localización, tipo de explotación (reproductoras, broilers, ponedoras o incubadoras) y censo

Submodelos extrínsecos a las explotaciones:

- Movimientos entre explotaciones y a matadero: se identifican en función del tipo de explotación los movimientos de envío y recepción de aves.
- Infectividad del virus: Distribución de la infectividad del virus desde el inicio de la epidemia en función de los días que transcurren (máximo 9 días), asumiéndose una transmisión dentro de una granja de valor constante =1.
- Difusión local: Distribución de la difusión local en función de los días de infectividad y de la distancia entre explotaciones, modulada por la bioseguridad de cada tipo de granja.
- Áreas de difusión: Se estipulan las áreas de difusión dentro de los límites comprendidos en la comunidad autónoma de CyL.
- Constantes de vigilancia de la enfermedad: incluyen las visitas periódicas a las granjas y las probabilidades de detección basadas en signos clínicos y laboratoriales, incrementándose dichas probabilidades en las zonas de protección y vigilancia una vez detectado un foco.
- Características del sacrificio: Intervalos de tiempo en los que transcurre el sacrificio tras la detección de la enfermedad en una granja.
- Zonas de medidas de control: Se establecen las características estipuladas por el MARM de las dos zonas de medidas de control: zona de vigilancia y zona de protección, a partir del momento de la detección de la enfermedad en una granja.
- Restricciones de movimiento: Se establecen las restricciones de movimientos en las explotaciones incluidas en las zonas de vigilancia y protección.

Todos estos parámetros (Resumidos en el **Anexo III**) se incluyen en el modelo a través del programa IS+ cuya interfaz podemos ver en la **Figura 36**.

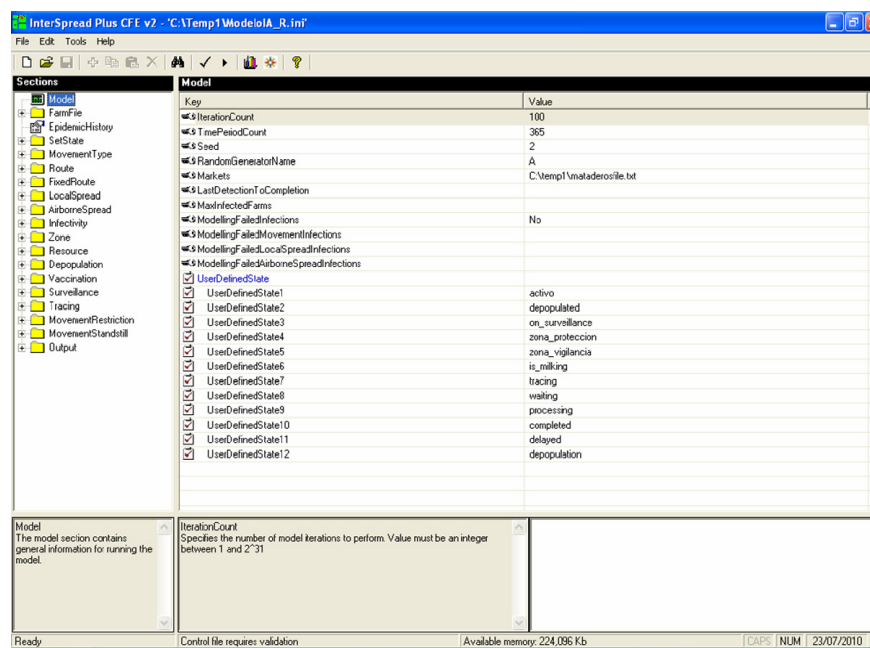


Figura 36. Imagen de la interfaz del programa Interspread+. Se aprecian en las carpetas de la izquierda (En amarillo) los diferentes submodelos que componen el modelo final.

En la **Tabla 14** se muestra un ejemplo de la variabilidad de parámetros que modulan cada uno de los sub-modelos o apartados, en este caso en el de movimientos entre explotaciones. Al ser un modelo estocástico, las variables que lo componen vienen definidas por una distribución de valores que definen su probabilidad de ocurrencia.

Parámetro	Dato o distribución del dato				
Movimientos a granjas (Broilers)	Poisson 0,0045				
Movimientos a granjas (Ponedoras)	Poisson 0,0028				
Movimientos a granjas (Reproductoras)	Poisson 0,3827				
Movimientos a granjas (Incubadoras)	Poisson 0,2655				
Probabilidad de granja de destino (Broilers)	0,61				
Prob. de granja de destino (Ponedoras)	0,21				
Prob. de granja de destino (Reproductoras)	0,18				
Prob. de granja de destino (Incubadoras)	0,001				
Prob. De movimiento entre explotaciones en función de la distancia	0.58	0.2	0.14	0.0073	0.0007
prob. de transmisión en movimientos entre granjas	50km	100km	150km	200km	250km
	Valor constante 1				

Tabla 14. Parámetros incluidos en el modelo IS+ para el submodelo de movimientos entre explotaciones de aves vivas.

#### 4.2.D.2. Análisis de la dinámica de la difusión de la IAAP y de sus consecuencias en granjas industriales en Cyl

##### 4.2.D.2.1. Análisis de la dinámica de la difusión de la IAAP en gallinas industriales



La finalidad última de una modelización es poder simular la dinámica de una enfermedad, como se ha descrito detalladamente en el apartado 2.6.B. Para ello se ha realizado la simulación de una epidemia de IAAP con comienzo en cada una de las 669 granjas de gallinas industriales, recreando 100 veces el modelo en cada una de ellas. De esta forma se ha abarcado el mayor número de variaciones derivadas de todas las posibles combinaciones de probabilidades de los factores introducidos, con la finalidad de reducir al máximo la incertidumbre. Una vez que el modelo estuvo puesto a punto, el tiempo computacional necesario para la obtención de los resultados fue de 16.580 minutos, que equivale a un total de 276 horas.

Se obtuvieron un total de 66.900 resultados, que nos aportan para cada explotación los valores de salida del modelo relativos a los siguientes parámetros:

1. El número medio de explotaciones que infecta una explotación en las 100 epidemias simuladas en cada explotación. Este parámetro se ha denominado tamaño medio de la epidemia y se ha considerado el parámetro que mejor representa la difusión de la enfermedad, por lo tanto se ha traducido como riesgo de difusión de IAAP.
2. Dentro de cada epidemia, el periodo (días) de mayor difusión desde el inicio de la epidemia.
3. El tipo de explotaciones que mayor difusión tienen respecto a otras explotaciones
4. El tiempo de duración medio (días) de una epidemia.
5. El número medio de animales infectados por epidemia.
6. El tiempo medio de detección.
7. El tiempo medio de sacrificio.

Estos resultados fueron analizados de manera general para todo el conjunto de datos del estudio y de manera parcial, para cada una de las zonas de riesgo obtenidas en el Modelo I.

El análisis de estos datos se realizó de manera estadística con el lenguaje informático R (R.2.10.1.) cuyas extensiones y herramientas son de libre difusión, utilizándose el CRAN mirror UK (Bristol) y los packages: epi R, epicentro, foreign, interspread, lattice, maptools, sp y splancs. Para cada uno de los 7 valores de resultados de cada explotación se obtuvo una

estadística descriptiva que comprende la media, la varianza, la desviación típica, los percentiles 2,5 y 97,5 y los valores mínimo y máximo. Los comandos utilizados para dichos análisis se muestran en el Anexo VI.

El **tamaño medio de la epidemia** o número medio de explotaciones que infecta cada explotación, se ha considerado el valor de salida del modelo que mejor define la difusión de una epidemia. Este parámetro se ha representado de manera espacial aplicando el método Kernel (descrito ampliamente en el apartado 4.1.1.). Las zonas de mayor difusión resultantes se han clasificado en 4 niveles mediante cuartiles (muy alto, alto, medio y bajo) y se han representado en un mapa cloroplético.

#### 4.2.D.2.2. Análisis de las consecuencias de la difusión de la IAAP en gallinas industriales



El número de explotaciones "vaciadas" y el número de animales sacrificados son dos de las consecuencias directas más evidentes de la difusión de una enfermedad. Ambas han sido analizadas de manera general en la simulación de las epidemias en toda CyL y de manera parcial, identificando los resultados de la simulación para cada una de las zonas de riesgo obtenidas en el Modelo I. Los costes económicos asociados al vacío sanitario de explotaciones y al sacrificio de aves son directamente proporcional al número de animales afectadas (Sartore *et al.*, 2010). Para evaluar las consecuencias económicas derivadas de la difusión de la enfermedad en CyL, se ha analizado previamente la asociación entre el número de animales sacrificados y el coste total de una epidemia, mediante la elaboración de una curva de coste con los datos disponibles de las epidemias de IAAP ocurridas en países con una economía similar a la nuestra (Canadá, Italia, Bélgica y Japón) (**Tabla 15**). Esta asociación nos ha permitido evaluar de manera aproximada el coste económico de la difusión de la IAAP en gallinas industriales. Las consecuencias económicas se han analizado de manera general en toda CyL y de manera parcial en cada una de las zonas de riesgo obtenidas en el Modelo I.

País afectado	Animales	Euros	Referencia
Canadá	17.000.000	284.789.356	Pasick <i>et al.</i> , 2009
Italia	13.000.000	100.000.000	Capua y Marangon, 2000
Bélgica	4.500.000	60.000.000	Vandendriessche <i>et al.</i> , 2009
Japón	275.000	11.660.992	Nin y Falconi, 2007

**Tabla 15. Epidemias de IAAP, con el número de animales sacrificados y el coste en euros de la epidemia.**



#### 4.2.D.3. Evaluación espacial de los resultados:

Los resultados obtenidos se han analizado mediante el estadístico de la I de Morán para estudiar si presentan correlación espacial. Posteriormente se han identificado las zonas de focos calientes "Hot spots" de mayor difusión obtenidas en el Modelo II mediante el estadístico Gi-Ord Getis (Ambos métodos se describen detalladamente en el apartado 4.2.C.C.).

#### 4.2.D.4. Análisis de sensibilidad del modelo

Para determinar la calidad predictiva del modelo y poder analizar la influencia de cada una de las variables en el mismo se ha realizado un análisis de sensibilidad. En este modelo resulta compleja la evaluación de dicha influencia debido a las múltiples variables introducidas, por ello se ha evaluado la influencia de las variaciones en los submodelos que componen la simulación. En los 8 submodelos que se estimaron de mayor importancia (**Tabla 16**), se realizaron variaciones incrementando o disminuyendo en un 20% sus valores originales pero manteniendo constantes el resto de las variables. De esta manera, se obtuvieron 8 escenarios (**Tabla 16**) en los cuales se replicó el modelo de simulación de la epidemia. Para facilitar la ejecución de este análisis, se seleccionaron 20 explotaciones al azar y en cada una de ellas se simularon 100 epidemias por escenario.

Escenario	Submodelos modificado	%de cambio
0	Modelo II sin modificaciones	Ninguno
1	1) Número de movimientos entre explotaciones	+20%
2	2) Infectividad del virus	-20%
3	3) Difusión local de la enfermedad	+20%
4	4) Radios de la zona de protección y vigilancia	+20%
5	5) Tiempos de permanencia de la zona de protección y de la zona de vigilancia	+20%
6	6) Número de movimientos a matadero	+20%
7	7) Tiempos de inicio y fin del sacrificio	-20%
8	8) Bioseguridad por tipos de granja	+20%

**Tabla 16. Parámetros modificados en cada uno de los 8 escenarios elaborados para realizar el análisis de sensibilidad del modelo II.**

Los resultados de las epidemias en cada uno de los escenarios fueron comparados entre ellos y con los resultados del modelo II original (Escenario cero) para siete variables o resultados "de salida" (**Tabla 17**). La similitud de las variables "de salida" de cada escenario (<10% de variación) y las del modelo II, fueron consideradas evidencia de robustez del modelo a variaciones en los parámetros iniciales (Martínez-López, 2009a).

Promedio de granjas infectadas o tamaño medio de la epidemia
Días de mayor difusión de la epidemia
Promedio de animales infectados (cabezas)
Promedio de duración de la epidemia (días)
Promedio de granjas detectadas
Periodo de detección
Duración sacrificio (días)

**Tabla 17. Resultados de salida del modelo analizados para evaluar su variación en cada uno de los escenarios del análisis de sensibilidad.**

#### **4.2.E. Comparación de los 2 modelos de riesgo elaborados en gallinas industriales**

Con el fin de evaluar la similitud en ambos modelos de los resultados para el análisis de la difusión de la IAAP en gallinas industriales, se compararon los resultado de riesgo de difusión de la IAAP del modelo I o de zonificación basado en factores de riesgo, con los resultados del tamaño medio de la epidemia del modelo II, basado en el número de granjas que infecta cada granja.

Ambos modelos se compararon a nivel municipal, contrastando los pares de valores para el modelo I y II de los 326 municipios con explotaciones de gallinas industriales de CyL a través de los rangos de correlación estadísticos de Spearman. Posteriormente se compararon los rangos de los cuartiles de riesgo relativo de difusión (Muy Alto, Alto, Medio y Bajo) para identificar las diferencias de clasificación de las explotaciones entre ambos modelos mediante una tabla de contingencia y un estudio de Chi cuadrado.

#### 4.2.F. Modelo III. Zonificación del riesgo de difusión en explotaciones de ACGA



El análisis del riesgo de difusión de la IAAP en explotaciones de avicultura complementaria y gallinas de autoconsumo (ACGA) se ha realizado considerando los diferentes tipos de explotaciones acordes con la descripción del REGA de las 2.528 explotaciones de ACGA (**Tabla 18**).

Especie	Nº de granjas. Dato de JCCyL 2008			Censo (cabezas). Datos JCCYL 2008		
	No autoconsumo	Autoconsumo	Total	No autoconsumo	Autoconsumo	Total
Gallinas de autoconsumo		1.880	1.880		53.356	53.356
Codornices	7	7	14	12.871	152	13.023
Faisanes	20	21	41	44.664	215	44.879
Ocas	4	26	30	26	222	248
Palomas	106	270	376	60.165	30.215	90.380
Patos	6	32	38	25.611	224	25.835
Pavos	1	53	54	2	283	285
Perdices	52	16	68	1.094.528	215	1.094.743
Pintadas		4	4		44	44
Ratites	33		33	1.616		1.616
<b>Total general</b>	<b>229</b>	<b>2.309</b>	<b>2.538</b>	<b>1.239.483</b>	<b>31.570</b>	<b>1.324.409</b>

Tabla 18. Numero de explotaciones y censo de las mismas en ACGA en CyL en función del tipo de explotación de autoconsumo o no. Datos REGA 2008.

La metodología aplicada en este modelo consta de cuatro fases principales:

##### 1. Análisis de los factores de riesgo:

Factores de riesgo intrínsecos a las explotaciones:

- 1.a. Densidad y censo de las explotaciones
- 1.b. Bioseguridad asociada al tipo de explotación
- 1.c. Susceptibilidad de cada especie
- 1.d. Movimiento de animales, abastecimiento y personal

Factores de riesgo extrínsecos a las explotaciones:

- 1.e. Proximidad a humedales de riesgo:
  - Identificación de humedales de riesgo
  - Aplicación en CyL del modelo obtenido
  - Validación de la adaptación del modelo en España
- 1.f. Factores climáticos de supervivencia del virus: Temperatura

2. Zonificación: Unión de los valores de dichos factores para obtener un resultado por zonas.

2.a. Unificación de capas

2.b. Zonificación del riesgo

2.c. Riesgo anual por explotación

3. Evaluación espacio temporal de los resultados.

4. Análisis de sensibilidad: identificación de la influencia de cada factor en el modelo.

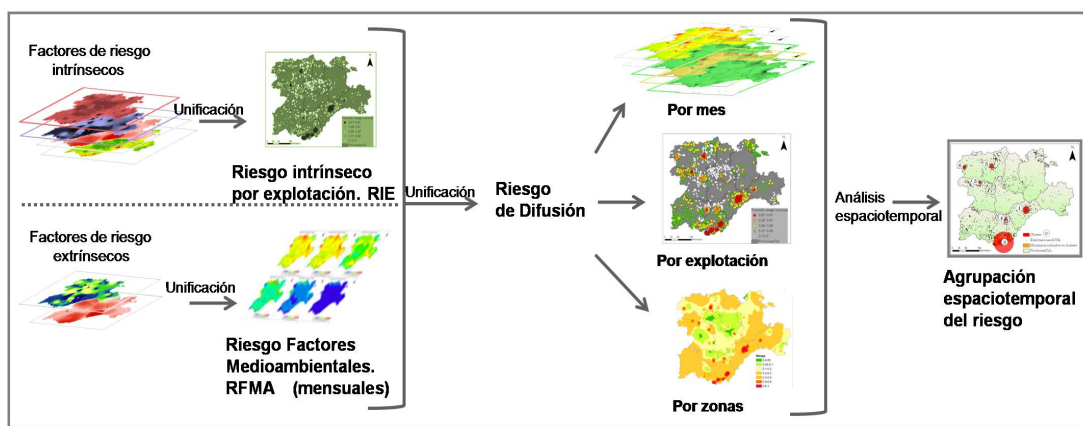


Figura 37. Esquema de trabajo en el modelo III de Zonificación del riesgo en explotaciones de ACGA.

#### 4.2.F.1. Análisis de cuantificación de los factores de riesgo de difusión.

El Modelo II presenta dos características diferenciales en cuanto a los factores de riesgo con respecto al Modelo I:

- Incluye factores medioambientales o extrínsecos a las explotaciones, debido a que las características de las explotaciones de ACGA permiten un mayor contacto con el exterior de la explotación.
- No incluye los movimientos de aves vivas entre explotaciones, debido a que la regulación del Registro general de movimientos de ganado (REMO) se aplica desde el 30 de junio de 2009 para aves de corral de avicultura complementaria industriales pero no en explotaciones de autoconsumo. Por lo tanto se ha considerado que no se disponía de una cantidad de datos significativa para la realización de un modelo de movimiento pecuario en ACGA dentro de Cyl, por ello a diferencia del modelo I este factor de riesgo no ha sido incluido.



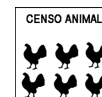
#### **4.2.F.1.a. Intrínsecos a las explotaciones: Densidad y censo de explotaciones en ACGA**

Como se ha descrito en el apartado 2.5.B y 2.5.C, el riesgo de difusión de las enfermedades aviares aumenta progresivamente en las áreas donde hay mayor densidad de explotaciones y censos más elevados. La densidad y el censo han sido analizados utilizando los datos de las explotaciones de ACGA registradas y dadas de alta en el REGA (2008), que comprenden un total de 1.324.409 aves en 2.538 explotaciones (**Tabla 18**). Mediante el método de estimación Kernel (descrito en el apartado 4.1.1. *Estadística descriptiva espacial y densidad de la distribución de las explotaciones avícolas de CyL.*), se han elaborado la capas raster con un tamaño de celda de 1 km<sup>2</sup> y un radio de 10 Km de influencia. Los valores resultantes se han representado en mapas isopléticos.



##### ***La densidad de las explotaciones de ACGA***

El valor de densidad de la capa elaborada a través del método Kernel se ha asignado a cada explotación en función del valor de la celda donde se haya ubicada. Posteriormente se han normalizado los valores añadiéndose el resultante como variable "densidad" (D) a cada explotación, para su posterior integración en el modelo.



##### ***El censo de las explotaciones***

De la misma manera, el valor de censo de la capa elaborada a través del método Kernel se ha asignado a cada explotación en función del valor de la celda donde se haya ubicada. Posteriormente se han normalizado los valores añadiéndose el resultante como variable "censo" (C) a cada explotación, para su posterior integración en el modelo.



#### **4.2.F.1.b. Intrínsecos a las explotaciones: Bioseguridad**

La bioseguridad de una explotación es inversamente proporcional al riesgo de difusión, ya que como se ha descrito en el apartado 2.5.A *Bioseguridad* desarrolla un papel fundamental en la protección de las explotaciones frente a enfermedades infecciosas.

Se han definido 3 rangos de bioseguridad (Alta, Media y Baja). Los menores valores corresponden con los niveles más elevados de bioseguridad (**Tabla 19**). Los rangos se han estimado en base al sistema de producción y a su identificación como explotación de autoconsumo. Para la realización de estas estimaciones se ha consultado la bibliografía nacional existente (Real escuela de avicultura 2003 y 2009) y se han realizado consultas de

expertos (Avicultores de la comunidad de CYL y consultores avícolas nacionales) acerca del tema.

AUTOCONSUMO		NO AUTOCONSUMO (Avicultura complementaria)	
Gallinas de autoconsumo	Avicultura complementaria	Exterior o mixto	Interior
	1 (Baja)	0,66 (Media)	0,33 (Alta)

Tabla 19. Rangos de bioseguridad estimados para las explotaciones de ACGA

De esta manera se obtiene un valor de bioseguridad para cada explotación, que se ha añadido como variable "bioseguridad" (B), para su posterior integración en el modelo.

#### 4.2.F.1.c. Intrínsecos a las explotaciones: Susceptibilidad de cada especie



Como se ha descrito en la introducción (apartado 2.1. D. Patogenicidad y sintomatología: Diferencias entre especies), las especies que componen la ACGA presentan diferente susceptibilidad frente a la IAAP desde el punto de vista clínico e infectivo.

La cuantificación realizada para introducir la susceptibilidad por especies como factor de riesgo en el modelo, se ha basado en: la clasificación realizada por Perkins y Swayne (2001), en las experiencias de países europeos (Italia, Holanda y Bélgica) afectados por brotes de IAAP y en los ensayos clínicos o en campo. Esta categorización de la susceptibilidad valora tanto la capacidad de cada una de las especies para eliminar virus, como la probabilidad de que no sea detectada la enfermedad. En la **Tabla 20** se muestran las categorías de riesgo utilizadas para cada especie.

Especie	Categorías de riesgo	Normalización
Patos y gansos	Alta (4) Capacidad para estar infectados excretando virus, sin presentar sintomatología clínica ni lesiones aparentes (Cardona et al., 2008) Son susceptibles a la infección con todas las variedades de virus de influenza aviar, pero solamente algunos virus muy virulentos producen la enfermedad clínica (Capua y Mutinelli, 2001; Sturm-Ramirez et al., 2004).	1
	Codornices	
Pollos y pavos	Alta (4) Requieren niveles más exhaustivos que los pollos para detectar la infección (Animal Health Australia, 2008) Hospedadores intermedios entre patos y pollos, y por tanto, podrían estar implicadas en un incremento de la difusión vírica (Pérez et al., 2003a; Xu et al., 2007).	1
	Faisanes	
Perdices	Media (3)	0,75
Avestruces	Media (3) (Perkins y Swayne, 2001).	0,75
Palomas	Baja (2)	0,5
	Muy baja (1) (Swayne, 2007), (Yu et al., 2007).	0,25

Tabla 20. Categorías de riesgo para la susceptibilidad estimadas para las explotaciones de ACGA

De esta manera se obtiene un valor por especie que tras su normalización se añade como variable "susceptibilidad" (S) a cada explotación, para su posterior integración en el modelo.



#### **4.2.F.1.d. Extrínsecos a las explotaciones: Proximidad a humedales de riesgo**

Los humedales constituyen los lugares de concentración de las aves silvestres acuáticas gregarias, por ello juegan un papel importante en la transmisión del virus y en la difusión de la enfermedad (Descrito en los apartados 2.1.B *Transmisión* y 2.5.C. *Aves silvestres*). En este análisis se ha considerado **la proximidad a los humedales de riesgo** como un factor de riesgo en la difusión del virus a las explotaciones cercanas.

#### ***Estudio de los factores de riesgo de los humedales frente a la IAAP en Europa***

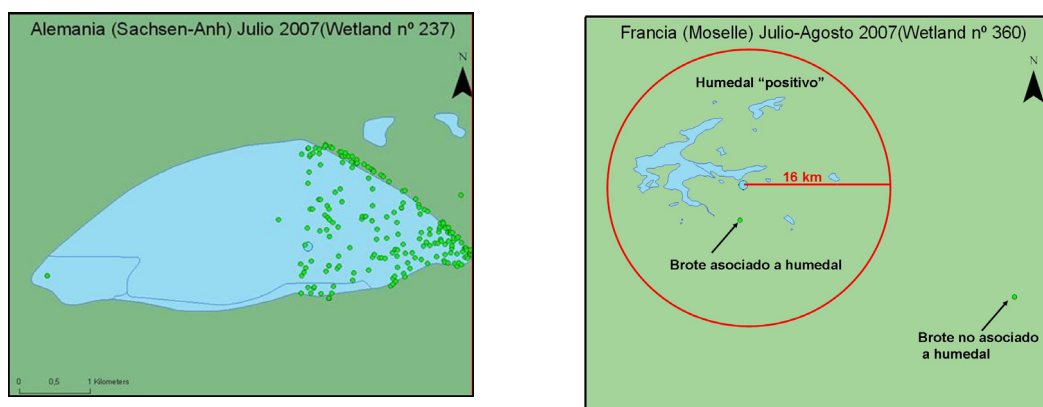
Para la identificación de los humedales que se consideren de riesgo en la difusión de la influenza aviar, se buscaron los parámetros medioambientales asociados a dichos humedales que pudieran influir en la presencia y en la supervivencia del virus (aspectos generales del humedal, relacionados con los usos de la tierra, y biológicos).

Dado que en España el número de brotes notificados de IAAP ocurridos en aves silvestres es muy reducido ya que sólo ha habido un caso, se realizó un estudio retrospectivo de los 519 brotes de IAAP notificados en aves silvestres en Europa entre enero del 2006 y enero del 2009 (, OIE, 2010d) y su asociación a los 833 humedales Ramsar europeos (incluido Salburúa, el humedal de Álava en el cual se notificó un caso de IAAP en 2006). Esta amplitud de datos permitió la obtención de unos resultados con una significación estadística consistente, aplicables en la cuantificación de riesgo de los humedales en España.

El estudio se realizó en humedales Ramsar, cuyas características individuales, acerca del tamaño, localización, salinidad, tipo de suelo, actividades, usos antropogénicos en el humedal y sus alrededores, características biológicas para diferentes ordenes animales, etc., se encuentran registradas en una base de datos homogénea y estructurada desde noviembre de 2002 (FIR, 2008). La definición de Ramsar se estableció en la Convención relativa a los Humedales de Importancia Internacional, especialmente como hábitat de aves acuáticas, firmado en la ciudad de Ramsar, Irán, el 2 de febrero de 1971 y que entró en vigor en 1975. Este acuerdo reconoce la importancia de estos ecosistemas como fundamentales en la conservación global y en el uso sostenible de la biodiversidad, y están definidos como áreas de importancia ecológica, botánica, zoológica, limnológica o hidrológica.

**Identificación de humedales positivos:** Para identificar las características medioambientales de dichos humedales que pueden ser consideradas factores de riesgo, se ha aplicado un modelo de regresión logística (RL) mediante un estudio de casos control. Se consideraron casos o "humedales positivos", aquellos humedales en los cuales la distancia al brote de IAAP más cercano fuera igual o menor a 16km, pudiendo estar un mismo humedal relacionado con más de un brote (**Figura 38**). Este radio de 16km se basa en estudios ornitológicos (Cramb y Simmons, 1977) que estiman que los

movimientos diarios habituales de algunas anátidas europeas comunes en la búsqueda de comida oscila en torno a los 16 Km.



**Figura 38.** Izquierda Ejemplo de humedal Ramsar (N° 237. En Saschen\_Anh, Alemania) asociado a más de un brote (Brote en verde). Derecha: Ejemplo de la consideración de un humedal Ramsar positivo (humedal n° 360, Moselle, Francia). Elaboración propia.

**Selección de las variables ambientales:** Se seleccionaron 29 características de los humedales (**Tabla 21**), del total disponible en la Lista de humedales Ramsar (Ramsar, 2008), incluyéndose en el análisis aquellas que cumplieran los siguientes criterios: 1) Poseer una importancia biológica tanto para las aves acuáticas como para el agente etiológico y; 2) que existiera información de cada característica en más de un 85% de los 840 humedales. Estas características fueron transformadas en variables dicotómicas (presencia/ausencia) para su posterior análisis estadístico como factores de riesgo.

A) Características hidrogeográficas del humedal	B) Usos antropológicos del humedal	C) Características de la fauna del humedal
A.1) Latitud y longitud (coordenadas en grados decimales del centroide del humedal)	B.1) Área agrícola	C.1) Zona de estancia para aves invernantes
A.2) Humedal navegable (Se considera en la categoría "característica del humedal" y no en "uso antropológico" porque indudablemente está ligada a la anchura, caudal y profundidad del mismo)	B.2) Silvicultura	C.2) Área de reproducción de aves
A.3) Humedal marino o de interior o artificial.	B.3) Área forestal	C.3) Área de muda de aves
A.4) Salinidad del agua: Fresca, euhalina/ eusalina, mixohalino/ mixosalino, hipersalino/hipersalino	B.4) Pastos	C.4) Zona de dormitorio de aves
-Fresca	B.5) Acuicultura	C.5) Zona de importancia para peces
Eusalina/euhalina	B.6) Observación de aves	C.6) Zona de importancia para mamíferos.
Mixosalina/mixohalina	B.8) Minería	C.7) Zona de importancia para invertebrados.
Hipersalina	B.9) Área de recreación o turismo	C.8.) Zona de importancia para reptiles.
A.5) Humedal permanente o estacional.	B.10) Caza	C.9) Área de importancia para aves acuáticas
A.6) Suelo del humedal de propiedades minerales, orgánicas o ambas: Características de los sedimentos	B.11) Pesca	C.10) Aves invernantes no reproductoras en épocas secas

**Tabla 21.** Características de los humedales Ramsar seleccionadas para el estudio de su asociación con la presencia de IAAP en los humedales positivos.

Para analizar la relación entre las 29 características de los humedales y la presencia/ausencia de la IAAP en ellos, se realizó un análisis logístico bivariado de chi cuadrado de Pearson considerándose aquellas variables que presentaron un  $p \leq 0,2$  (Pérez *et al.*, 2003b) con una asociación significativa y siendo incluidas en el posterior análisis de regresión logística binaria (RL).

También se incluyeron en el estudio de RL dos variables adicionales:

- La distancia normalizada de cada uno de los humedales al humedal positivo más cercano, con el fin de ajustar la dependencia espacial de los datos.
- La distancia más cercana a los brotes notificados en aves domésticas, para evaluar la posibilidad de que la enfermedad pudiera tener su origen en la difusión desde las aves domésticas infectadas más cercanas.

**Modelo de regresión logística:** Se ha utilizado una RL de tipo binario como método estimativo (estima la mejor relación de las variables independientes con la dependiente) para modelar la influencia de las variables medioambientales en la "positividad" o no de los humedales y poder evaluar la influencia de cada variable independiente en nuestra respuesta en forma de "oportunidad relativa" o "razón de posibilidades" u "odds ratio": ("OR"), como indicador de riesgo. Un OR (Odd Ratio) con valor mayor que uno, nos indica que las variables favorecen que el humedal en el que se encuentran sea positivo, es decir que haya habido un brote de IAAP en él. La variable dependiente o "positividad de los humedales" fue introducida como una variable dicotómica, (valor 1 para los humedales positivos y 0 para los negativos).

La introducción de los datos se realizó mediante el método "Hacia atrás de Wald" (p de entrada 0.10, y p de salida >0.15) (Mardones *et al.*, 2008). Para evaluar el ajuste del modelo, se utilizó la prueba de Hosmer-Lemeshow (Hosmer y Lemeshow, 2000). Los análisis se realizaron mediante el programa informático estadístico SPSS 15.0. (©2006 SPSS INC). Los residuos obtenidos del modelo fueron representados, evaluándose en ellos la presencia de autocorrelación espacial mediante el índice I de Moran (utilizando el programa informático ArcGis9.3), para determinar si existe dependencia espacial en las observaciones. La ausencia de autocorrelación espacial nos indicaría que las variables obtenidas no están afectadas por la situación espacial de los brotes, si no por su verdadera relación con los humedales.

El modelo de RL que mejor ajustó identificaba las siguientes características como factores de riesgo:

- "zona Forestal "en los alrededores del humedal.
- "área importante para aves acuáticas" combinada con "mixosalinidad del agua".

que fue aplicado a los humedales mediante la formula estandar de la regresión logística(Hosmer y Lemeshow, 2000):

$$P = y_i = (1|x) = \frac{e^{\beta_0 + \sum_{i=833}^n \beta_1 x_1 \beta_2 x_2}}{1 + e^{\beta_0 + \sum_{i=833}^n \beta_1 x_1 \beta_2 x_2}}$$

siendo  $P (y=1 | x)$  la probabilidad de que  $y$  tome el valor 1 (máximo valor de riesgo para cada humedal  $i$ ) en presencia de las covariables  $x$ . Donde

- $B_0$  =Constante del modelo o término independiente
- $n= 2$  Número de covariables
- $x_1$  = Zona forestal.
- $B_1$  =La beta obtenida en el modelo de RL para la variable Zona forestal
- $x_2$  =Zona de importancia para aves acuáticas\* Mixosalinidad
- $B_2$  = La beta obtenida en el modelo de RL para la variable Zona de importancia para aves acuáticas junto con Mixosalinidad.

**Estudio de controles pareados:** Un posible inconveniente de este estudio podría derivarse del hecho de que los humedales más alejados de los considerados positivos, pueden no haber estado expuestos al agente infeccioso y sin embargo están siendo considerados como controles. Para analizar este posible sesgo, se realizó un estudio de controles pareados. Para ello, se repitieron los análisis mediante un estudio de caso-control, en el cual los casos seguían siendo los humedales positivos, pero como controles sólo fueron considerados aquellos 3 humedales más cercanos a cada uno de los humedales positivos. Los resultados del modelo se considerarán consistentes frente a los cambios en el diseño del estudio si las variables introducidas en este segundo modelo de RL concuerdan con las obtenidas en el evaluado, y si los intervalos de confianza de los coeficientes de regresión de cada variable incluidas en ambos modelos se superponen.

En el Anexo II se incluye la publicación relacionada con dicho trabajo con un mayor detalle metodológico (Publicación 1).

### **Aplicación del modelo en CyL:**

Para la identificación de humedales de riesgo en CyL mediante la aplicación del modelo de RL, se amplió la base de datos Ramsar al mayor número de humedales posible en CyL, para ello se realizó una revisión exhaustiva de las bases de datos de humedales de CyL y de las fuentes que podían aportar las características medioambientales identificadas como factores de riesgo en el modelo de RL ("zona Forestal en los alrededores del humedal", "área importante para aves acuáticas" y "mixosalinidad del agua"). La información total necesaria para la aplicación del modelo se obtuvo para un total de 234 humedales (Tabla 22) (Bases de datos citadas en el apartado Material).

Provincia	Nº Humedales
Ávila	33
Burgos	9
León	51
Palencia	9
Salamanca	14
Segovia	23
Soria	12
Valladolid	7
Zamora	76
Total general	234

Tabla 22. Número de humedales de CyL por provincias incluidos en el análisis.

#### Factores de riesgo del modelo en los humedales de CyL:

**“Zona Forestal”** en los alrededores del humedal”: Los datos del uso de la tierra en los alrededores del humedal fueron obtenidos de la Base de Datos de Ocupación del Suelo 2000 (Corine land cover, 2000) cuya información se encuentra disponible en formato raster (Celdas de 100m<sup>2</sup>). La definición de Zona forestal de los humedales Ramsar, se ajustó a los valores del Corine 2000 que definen zonas forestales. Estos datos se asociaron con cada uno de los humedales de CyL, añadiéndose a la tabla de atributos de los humedales de estudio un campo de valor dicotómico indicativo para cada humedal de la presencia o ausencia de zona forestal en su perímetro (radio de 0,5Km) (**Figura 39**).

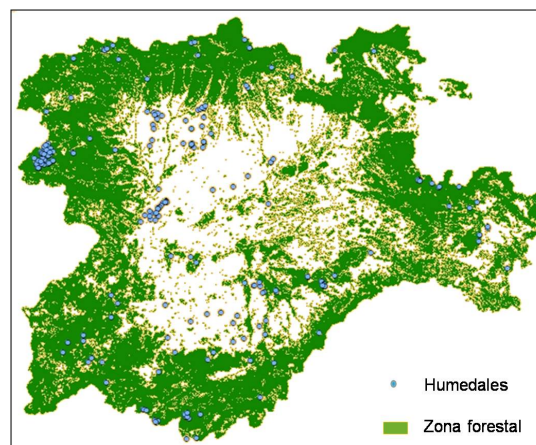


Figura 39. Raster de la zona forestal de CyL (Correspondiente a los valores 21-32 de Corine Land cover) con la localización de los humedales de estudio. Elaboración propia.

**“Área de importancia para aves silvestres acuáticas”:** Para la determinación de la importancia de aves silvestres acuáticas para cada uno de los humedales de CyL considerados, se tuvieron en cuenta los siguientes criterios:

1. Humedales categorizados como Ramsar con criterios 5 y 6 (importancia ornitológica) (Ramsar, 2008b).
2. Censos medios superiores a 1000 individuos. Según el registro de censos anuales de SEO (Sociedad Española de Ornitología) en CyL.
3. Presencia de aves en la lista roja de España, 2004
4. Inclusión del humedal en una zona IBA (Áreas de Importancia para las aves, del inglés "Important Birds Areas", definidas por el MARM y que forman parte del inventario llevado a cabo por SEO/BirdLife en 1988)
5. Valoración de expertos ornitólogos de CyL (Peris, 2009, Comunicación personal).

A la tabla de atributos de los humedales de estudio se le añadió un campo de valor dicotómico indicativo para cada humedal de su consideración como *de importancia para aves silvestres acuáticas* o no.

**"Mixosalinidad del agua":** La salinidad del agua es el resultado de las diferentes concentraciones de sales disueltas en ella, y puede ser expresada en términos de concentración iónica (g/L o ‰) o en términos de conductividad eléctrica ( $\mu\text{S}/\text{cm}$ ). Las aguas mixosalinas o subsalinas o hiposalinas presentan una concentración iónica de 0,5-30‰ y una conductividad entre 800  $\mu\text{S}/\text{cm}$ -40.000  $\mu\text{S}/\text{cm}$  siguiendo los criterios de clasificación de Montes y Martino (1987) para aguas sin influencia marina o continentales.

La identificación de los humedales *mixosalinos* de CyL se completó mediante el análisis de las bases de datos locales citadas en Material. A la tabla de atributos de los humedales de estudio se le añadió un campo de valor dicotómico indicativo para cada humedal de la salinidad *mixosalina* o no de sus aguas.

#### **Cálculo del modelo y Creación de la capa de riesgo de humedales:**

Una vez recopilados los datos descritos de los humedales de CyL, se aplicó el modelo de RL descrito anteriormente a cada uno de los 234 humedales.

Los resultados obtenidos para cada humedal se interpolaron a toda la superficie de CyL mediante la técnica estadística **IDW** (Peso ponderado por la inversa de la distancia, en inglés **Inverse Distance Weighting**) (Isaaks y Srivastava, 1989) obteniéndose una capa raster con los valores de riesgo de los humedales para toda la superficie de CyL.

A continuación, se ampliará el método empleado en esta técnica, ya que se aplicará en sucesivas ocasiones a largo del documento: Mediante la técnica IDW cada punto introducido en el análisis ejerce una influencia sobre los puntos sin valor determinado de su alrededor, permitiéndose obtener una superficie continua de valores. Esta influencia disminuye en función de



la distancia. Al aplicar esta técnica cada punto vecino contará con una influencia o “peso” en la determinación del valor del punto a interpolar, siendo mayor cuanto más cerca se encuentre, siguiendo el principio de correlación espacial (Isaaks y Srivastava, 1989). Esta técnica se ha aplicado mediante la herramienta Geostatistical Analyst del software ArcGIS 9.3. Los valores de interpolación obtenidos se han representado en un mapa isoplético categorizados en 7 cuantiles, con un tamaño de celda de 1Km<sup>2</sup>.

El valor del riesgo en función de la cercanía a humedales de riesgo se ha asignado a cada explotación en función del valor de la celda donde se haya ubicada.

### ***Validación de la adaptación del modelo en España: Brote de H7N7 en Almoguera:***

Como ya se ha descrito en el apartado “2.3.A. Evolución histórico-temporal de los virus IAAP”, los únicos brotes de IAAP notificados en España tuvieron lugar en 2006, en un ave silvestre encontrada muerta en el humedal Ramsar de Salburúa (País Vasco) y más recientemente, en Octubre del 2009, en aves domésticas (gallinas ponedoras) en la provincia de Guadalajara, cuyo origen por contacto indirecto con aves silvestres a través de fómites contaminados ha sido considerado plausible (Iglesias *et al.*, 2010e). Debido a la ausencia de más brotes en España, y al probable origen silvestre del único caso ocurrido en España fuera del periodo de estudio del modelo de RL, se ha aplicado dicho modelo en el humedal de Almoguera, para obtener el valor de riesgo de dicho humedal; asumiendo su potencial implicación en el brote de Octubre de 2009 debida a su cercanía a la explotación afectada (menos de 1,5 Km). Con este análisis no se pretende realizar una validación absoluta, ya que estadísticamente no se podría obtener un resultado consistente, sin embargo si nos permite realizar un ejercicio de aplicación del modelo y valorar su utilidad y futuro desarrollo.

Para la aplicación del modelo, se han estudiado las características del embalse de Almoguera (**Figura 40**) en cuanto a los tres factores de riesgo identificados:

**“Zona Forestal” en los alrededores del humedal:** Al igual que en los humedales de CyL, se analizó la presencia o ausencia de área forestal mediante el estudio de los datos del uso de la tierra en el perímetro del embalse (radio de 0,5Km) obtenidos de la Base de Datos de Ocupación del Suelo 2000 (Corine land cover, 2000).

**“Área de importancia para las aves acuáticas”:** En el embalse de Almoguera se realiza anualmente un censo de las aves acuáticas por la Sociedad Española de Ornitología (SEO), que muestra en los últimos cinco años de censo una media de 1.500 aves (Datos 2002-2006). El embalse de Almoguera está declarado como Zona de Especial Protección de las Aves (ZEPA) y LIC nº ES-4240018.

**“Mixosalinidad”:** Se han consultado los datos de salinidad de la Cuenca Hidrográfica del Tajo a la que pertenece el embalse (Cuenca Hidrográfica del Tajo, 2010).

Adicionalmente, se realizó un muestreo puntual de agua en el humedal de Almoguera, con el fin de observar si el incremento de las masas de agua, debido a las importantes lluvias del año 2009, había modificado las variables medias de conductividad (o salinidad) del agua. El muestreo se realizó el 08/04/2010, en el primer semestre del 2010, época en la aún permanecen las aves invernantes que llegan a nuestro país a partir de de Septiembre. Para ello, se tomaron 8 muestras de agua, en 6 localizaciones del embalse (**Figura 41**): 6 en superficie (máximo 3 metros de profundidad) y 2 en capas más profundas (6 metros de profundidad).

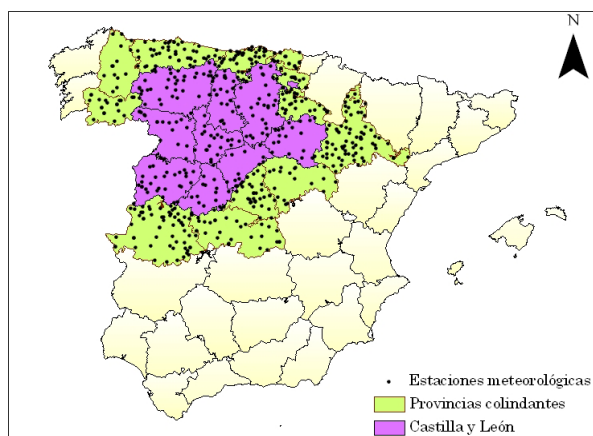


#### 4.2.F.1.e. Extrínsecos a las explotaciones: Factores climáticos: Temperatura.



La supervivencia del virus en el medio depende en gran medida de la temperatura como se ha descrito en la introducción (2.1.C. *Supervivencia del virus fuera del hospedador*).

Para identificar las zonas de CyL en las cuales la probabilidad de supervivencia del virus en función de la temperatura es superior, se han analizado las temperaturas medias mensuales entre el año 2001 y 2007 en CyL. Los datos meteorológicos de las 199 estaciones meteorológicas de CyL fueron facilitados por la Agencia Española de Meteorología (AEMet). También se incluyeron en el estudio las estaciones situadas en las 12 provincias colindantes (Orense, Lugo, Asturias, Cantabria, Vizcaya, Álava, La Rioja, Zaragoza, Guadalajara, Madrid, Toledo y Cáceres), con el fin de evitar el “efecto borde” que se produce porque los puntos que aparecen fuera de los límites del área de estudio no son tenidos en cuenta para estimar la interpolación de los valores (Ripley, 1988). En total se ha empleado los datos de 602 estaciones meteorológicas (**Figura 42**). Se han calculado los promedios de las temperaturas medias mensuales de 6 años (2001-2007). Los valores obtenidos se han interpolado a toda la superficie de CyL aplicando la técnica IDW mediante el programa informático ArcGis 9.3., descrita en el apartado anterior, obteniéndose doce capas raster de las temperaturas medias mensuales (tamaño de cada celda = 1Km<sup>2</sup>).



**Figura 42.** Localización de las estaciones meteorológicas utilizadas en el análisis.

**Datos de Supervivencia en función de la temperatura:** Los datos de T° se han transformado y cuantificado en un valor de supervivencia mediante la interpolación de la temperatura en una curva de supervivencia del virus en el medio (Iglesias *et al*, 2009). Para la elaboración de la curva de supervivencia se llevó a cabo una revisión sistemática a partir de artículos científicos y otras publicaciones (informes de organizaciones internacionales FAO, EFSA, OIE) recopilando los datos experimentales y de campo de la supervivencia del virus en el medio en cuanto a temperatura (Tabla 23). La curva de

supervivencia fue aplicada a cada uno de los valores de celda de la capa de temperaturas, obteniéndose 12 capas de supervivencia (en días) mensual del virus.

SUPERVIVENCIA (DÍAS)	TEMPERATURA °C	REFERENCIA
0,02	56	Scholtissek <i>et al.</i> , 1985
0,01	40	Chumpolbarchon <i>et al.</i> , 2006
2	37	Lu <i>et al.</i> , 2003
4	26	Songserm <i>et al.</i> , 2006
7	20	Beard <i>et al.</i> , 1984
7	15	Lu <i>et al.</i> , 2003
20	4	Lu <i>et al.</i> , 2003

**Tabla 23. Datos de supervivencia del virus en el medio.**

Mediante la estadística descriptiva de los resultados obtenidos se han identificado los valores mínimo, máximo, media y desviación estándar de la supervivencia del virus por provincia mediante la herramienta Zonal statistics del software Arc Gis 9.3.

#### 4.2.F.2. Zonificación: Unificación de capas y zonificación del riesgo.

Los 6 factores de riesgo evaluados (Bioseguridad, densidad de las explotaciones, censo, susceptibilidad de especie, cercanía a humedales de riesgo y supervivencia del virus), se han unificado mediante una evaluación multicriterio de tipo sumatoria lineal ponderada, adición simple y a través del producto de los factores de riesgo intrínsecos (Ver fórmula) (Gómez y Barredo, 2005), que ha permitido integrar todos los factores para poder considerarlos de manera simultánea y determinar las zonas de riesgo para la difusión del virus en explotaciones de ACGA.

##### 4.2.F.2.a.. Unificación de capas

**Riesgo de explotación intrínseco (REI):** El riesgo intrínseco (REI) de las explotaciones se ha calculado mediante el producto de los factores intrínsecos:

$$REI_i = D_i * C_i * B_i * S_i$$

Donde

REI<sub>i</sub>: Riesgo de explotación (i) intrínseco

D<sub>i</sub>: Densidad Kernel explotaciones

C<sub>i</sub>: Censo normalizado de cada explotación.

B<sub>i</sub>: Bioseguridad por tipo de explotación

S<sub>i</sub>: Susceptibilidad por especie

obteniéndose un valor de REI por explotación "i".

**Riesgo extrínseco a las explotaciones: Factores medioambientales (RFMA):** El riesgo extrínseco de las explotaciones se ha calculado mediante el producto de los factores extrínsecos:

$$RFMA_{im} = \underbrace{\left( \frac{e^{\beta_0 + \sum_{i=234}^n \beta_i x_i \beta_2 x_2}}{1 + e^{\beta_0 + \sum_{i=234}^n \beta_i x_i \beta_2 x_2}} \right)}_a * \underbrace{(-7,82 \ln(x_m) + 29,94)}_b$$

Donde

a= Riesgo analizado en cada celda asociado a la proximidad de los humedales (Modelo de RL)

b=Supervivencia del virus mensual en función de la temperatura (Curva de supervivencia)

obteniéndose un valor de riesgo "RFMA" por explotación "i" y mes "m".

**Unión de REI y RFMA:** Los factores de riesgo intrínsecos y extrínsecos se unifican mediante la "Adición simple" de los valores RFMAc y obteniéndose un riesgo total por explotación "i" y mes "m" ( $RT_{im}$ ).

$$RT_{im} = \left[ \underbrace{\left( \frac{e^{\beta_0 + \sum_{i=234}^n \beta_i x_i \beta_2 x_2}}{1 + e^{\beta_0 + \sum_{i=234}^n \beta_i x_i \beta_2 x_2}} \right)}_a * \underbrace{(-7,82 \ln(x) + 29,94)}_b \right] + [D_i * C_i * B_i * S_i]$$

#### 4.2.F.2.b. Zonificación del riesgo

El valor de riesgo total de cada mes de cada explotación ( $RT_{im}$ ) se ha interpolado a toda la superficie de CyL zonificando el riesgo y representándolo en 7 niveles de riesgo que se muestran de manera cloroplética en cada uno de los 12 mapas que identifican las zonas de mayor riesgo de difusión de IAAP por mes (capa raster de 90.510 celdas de 1Km<sup>2</sup>). Mediante la herramienta *Zonal statistics* del software Arc Gis 9.3. se ha elaborado la estadística descriptiva de los resultados obtenidos por mes y provincial.

#### 4.2.F.2.c. Riesgo anual por explotación

Los valores de riesgo mensuales se han unificado por explotación mediante "Sumatoria lineal ponderada", para la obtención de un valor único de riesgo anual medio por explotación (RT<sub>i</sub>):

$$RT_i = \left( \frac{\sum_{n=12} (a * b)}{n} \right) + REI_i$$

El **RT<sub>i</sub>** se ha representado en un mapa clasificando el riesgo en 5 quantiles, con una simbología cromática y de tamaño gradual proporcional al valor de riesgo.

#### 4.2.F.3. Análisis espacio temporal de los resultados de zonificación del riesgo



Con el objetivo de identificar simultáneamente en los 12 resultados mensuales de riesgo obtenidos para cada una de las explotaciones **las áreas y periodos del año en los que existe un mayor riesgo de difusión** de la IAAP, se ha realizado un análisis espacio-temporal mediante el método de escaneo espacial de Kulldorff (1997) con el software Sat Scan.

En dicho análisis las explotaciones son nuestras observaciones y los valores de riesgo mensuales para cada una, un valor continuo de cada observación. Se aplicó la técnica de análisis normal de Kulldorff (1997), que identifica áreas geográficas y periodos de tiempo (clusters) donde la variación del riesgo observada es significativamente mayor a la esperada, bajo la hipótesis nula ( $H_0$ ) de que las variaciones en los valores de riesgo observados en cada explotación se distribuyen de manera homogénea en espacio y en tiempo. Para la identificación de cluster el programa construye cilindros y analiza la significación de los valores dentro y fuera de ellos como se ha descrito en el apartado 4.2.B.B.

#### 4.2.F.4. Análisis de sensibilidad del modelo

Para determinar la calidad predictiva del modelo I se ha realizado un análisis de sensibilidad que permitirá determinar la estabilidad del proceso e identificar cuantitativamente la influencia de cada una de las variables en el resultado final. Para ello se ha utilizado la misma técnica de análisis descrita en el Modelo I (4.2.C.D.). Los resultados del análisis de sensibilidad, indican la influencia de cada una de las variables introducidas en el modelo final mediante los coeficientes de regresión, y se muestran gráficamente en un gráfico de tornado. El análisis de sensibilidad se ha elaborado en un soporte Excel con el programa informático @Risk5.5. (Palisade Corp®).



## RESULTADOS

---





## 5. RESULTADOS

### 5.1. Resultados de la exploración de los datos de estudio.

#### 5.1. A Resultados de la estadística descriptiva espacial de la distribución, densidad y censo de las explotaciones avícolas de CyL.

##### 5.1.A.1. Estadística descriptiva

Los resultados de las medidas básicas estadísticas muestran que la media central y la media ponderada por el censo se encuentran en Valladolid (punto rojo y azul en la **Figura 43**). Los resultados para las medidas de dispersión mostraron un valor de 0,29 para la media de la distancia de las explotaciones vecinas, que indica que la distribución de las explotaciones presenta agrupación espacial. Esta observación es lógica ya que la ubicación de las granjas nunca es al azar, si no que se sitúan en áreas determinadas definidas por factores externos tanto de urbanismo como de preferencia y economía, como son las vías de comunicación que faciliten el transporte de los animales y del pienso necesario abaratando los costes, proximidades a los núcleos urbanos, etc... Los resultados de la desviación estándar en elipse (SDV) muestran que la agrupación del 68% de las explotaciones avícolas se encuentra en el centro de la comunidad y en la parte suroeste, así como el 68% del censo de CyL se encuentra ubicado en Valladolid, norte de Segovia así como en zonas colindantes de Burgos y Zamora (**Figura 43**).

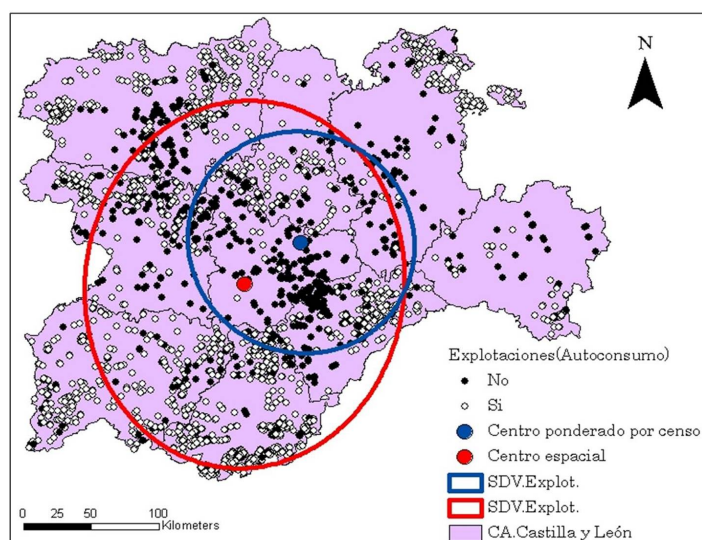
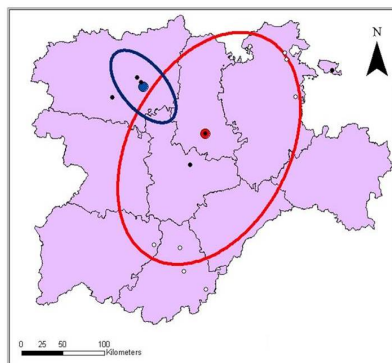
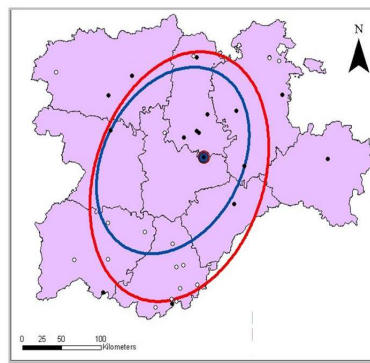


Figura 43. Estudio espacial de todas las explotaciones avícolas de CyL. Elaboración propia

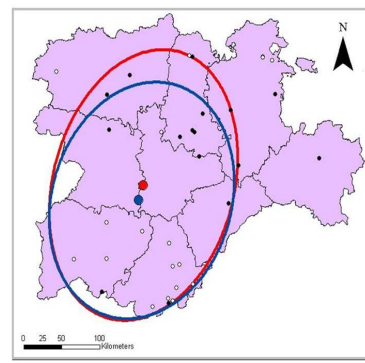
La distribución general de las explotaciones (Círculo rojo en la **Figura 43**) viene representada por las gallinas de autoconsumo (puntos blancos en la **Figura 43**), sin embargo la distribución de los censos (en azul en la **Figura 43**) se debe fundamentalmente a las explotaciones de gallinas industriales (de no autoconsumo, puntos negros en la **Figura 43**) cuya localización tiene unos núcleos muy importantes en Valladolid y norte de Segovia.



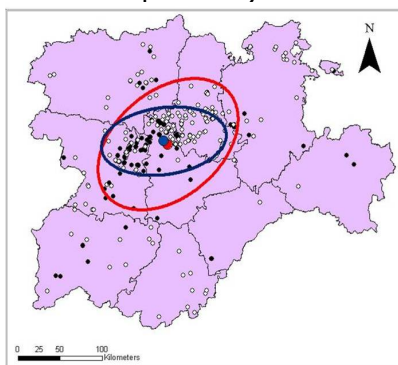
**Figura 44A. Codornices (14 explotaciones)**



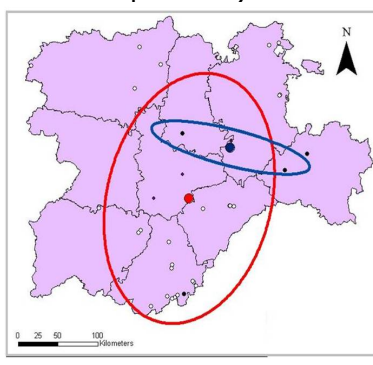
**Figura 44B. Faisanes (41 explotaciones)**



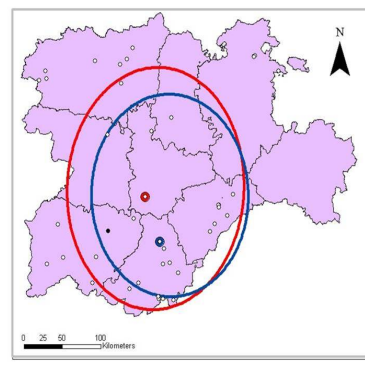
**Figura 44C. Ocas (30 explotaciones)**



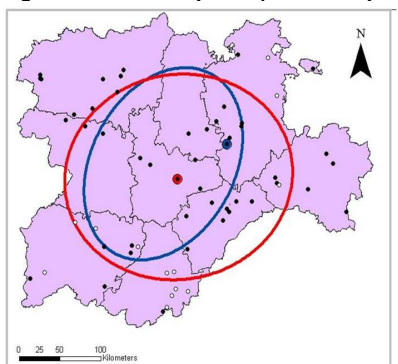
**Figura 44D. Palomas (376 explotaciones)**



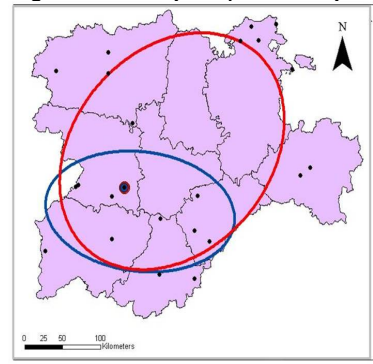
**Figura 44E. Patos (38 explotaciones)**



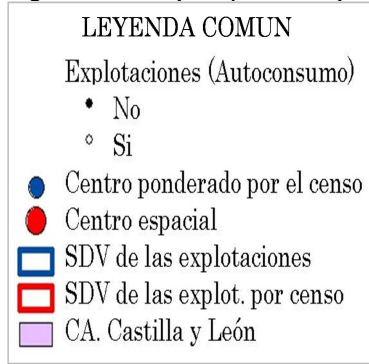
**Figura 44F. Pavos (54 explotaciones)**



**Figura 44G. Perdices (68 explotaciones)**



**Figura 44H. Ratites (33 explotaciones)**



**Figura 44. Imágenes del estudio de la desviación estándar de la distribución espacial de las explotaciones (rojo) y de la distribución espacial de las explotaciones ponderada por los censos (azul) en las diferentes especies avícolas. Las explotaciones se representan mediante puntos blancos (autoconsumo) y negros (no autoconsumo). Elaboración propia con ArcGis 9.2.**

El análisis de la SDV normal y ponderada por los censos realizado en cada una de las especies de ACGA muestra que **las mayores concentraciones de censo coinciden con las localizaciones de las explotaciones de no autoconsumo** (como puede apreciarse visualmente en la **Figura 44**, pese a que las de autoconsumo son mucho más numerosas. Se La distribución general de las especies abarca la mayoría de las provincias, salvo en el caso de palomas (**Figura 44D**) cuya distribución está muy concentrada en la zona este del

cuadrante noroeste de CyL. En la evaluación de la situación espacial de los censos, se observa que son similares a las áreas de distribución, salvo en tres especies: en codornices (**Figura 44A**), en las cuales el censo se concentra en la provincia de León en un área de 15.000 km<sup>2</sup>; en patos (**Figura 44E**), que presentan explotaciones de autoconsumo localizadas en León, Ávila y Segovia, pero la distribución del censo queda focalizada en 2 explotaciones localizadas en el sur de Palencia y en el oeste de Soria; y en ratites (**Figura 44H**), cuya distribución abarca todas las provincias (Salvo Valladolid y Palencia) pero concentran su censo en el área suroeste de la comunidad, en explotaciones industriales en su mayoría. La diferencia numérica entre las áreas de distribución y las de censo puede observarse en la Tabla 24. En cuanto a la localización de las explotaciones de autoconsumo o industriales, en el caso de los faisanes y de las ocas (**Figura 44B** y **Figura 44C** respectivamente), se observa que la zona norte presenta un mayor número de explotaciones industriales y la zona sur de explotaciones de autoconsumo. En las explotaciones de palomas (**Figura 44D**), hay concentraciones en el norte de Valladolid y noreste de Zamora y al sur de Palencia y León en un área de 17.000 km<sup>2</sup>, reduciéndose en el caso de los censos a la confluencia de las provincias de León, Valladolid, Palencia y Zamora. Existen núcleos pequeños de explotaciones dispersas por toda la comunidad, destacando Ávila y Salamanca con explotaciones de palomas de autoconsumo. Los pavos y perdices (**Figura 44G**) presentan una distribución muy dispersa de explotaciones y de censos, los primeros de autoconsumo y las segundas de explotaciones en su mayoría industriales.

		Codorniz	Faisán	Gallina	Oca	Paloma	Pato	Pavo	Perdiz	Ratite
SDV	Radio mayor (Km)	142,20	148,50	145,30	159,80	92,5	148,8	139,6	139,8	159,5
	Radio menor (Km)	95,30	106,30	121,50	117,50	60,6	102,8	115	114	120,1
	Ángulo rotación.	31,50	22,70	3,80	21,00	54,44	16	4,19	83,6	55,2
SDV censo	Radio mayor	50,40	116,30	145,00	140,50	74,4	101,7	116,6	99	124,8
	Radio menor	26,20	85,60	123,30	115,80	37,3	21,2	102	75,5	67,8
	Ángulo rotación	136,80	35,60	8,10	27,60	83,05	103,2	177,8	99,3	95,1
Área de SDV (Km <sup>2</sup> )		42.573	49.591	55.461	58.988	17.610	48.056	50.435	50.068	60.180
Área de SDV censo (Km <sup>2</sup> )		15.089	38.838	55.347	51.863	14.164	32.845	42.126	35.456	47.088
Diferencia de áreas (Km <sup>2</sup> )		27.484	10.753	114,51	7.124	3.446	15.211	8.310	14.612	13.093

**Tabla 24. Análisis de la SDV y SDV ponderada por censo en las explotaciones de ACGA de CyL.**

Las gallinas de autoconsumo abarcan una superficie muy amplia de toda la comunidad. La distribución de explotaciones y censos es muy similar con una diferencia mínima de 114km<sup>2</sup> (**Figura 45**).

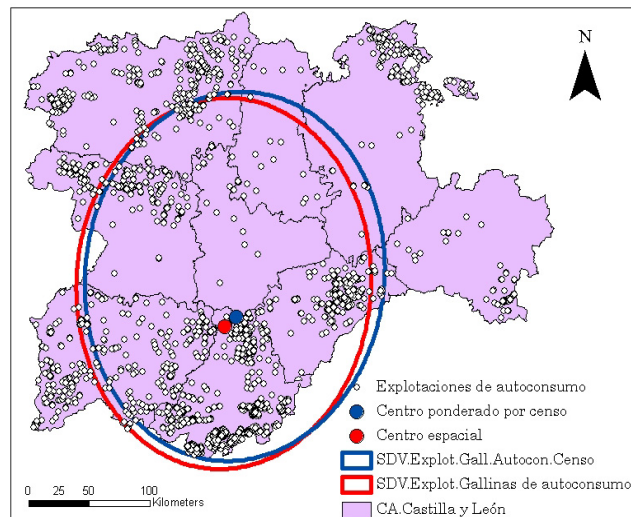
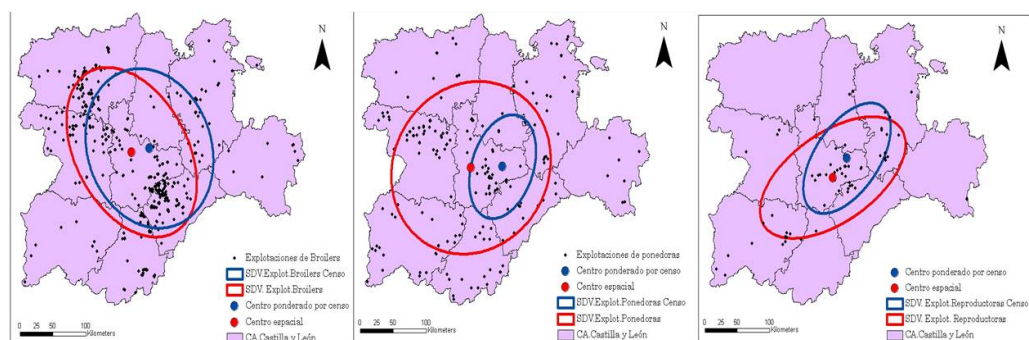


Figura 45. Gallinas de autoconsumo

Al analizar las gallinas industriales mediante la estadística descriptiva, separando en función de su clasificación zotécnica en: pollos de carne ("broilers"), gallinas ponedoras y reproductoras, se observa que:

- 1) Los **broilers** (Figura 46.A y Tabla 25) presentan una extensa área de distribución de 29.297 km<sup>2</sup> comprendida en una elipse de 137° de ángulo localizada con centro en Valladolid y que abarca la zona sur de León, noreste de Zamora, Valladolid y Segovia. Los mayores censos tienen una distribución similar más localizada hacia el este ya que comprenden también la zona oeste de Burgos.
- 2) Las explotaciones de **ponedoras** (Figura 46.B y Tabla 25) se distribuyen en un área de 39.100 km<sup>2</sup> centrada en la comunidad, comprendida en una elipse de 73° de ángulo. Destaca la gran diferencia con la distribución de censos, que comprende la mitad de dicha extensión, con un área de 21.234 km<sup>2</sup>, con un ángulo de 27°, localizada con centro en la zona sureste de Valladolid que abarca también las explotaciones más pobladas del norte de Segovia y zona sur de Palencia.
- 3) Las explotaciones de **reproductoras** (Figura 46.C y Tabla 25) tienen una localización más reducida en un área de 21.997km<sup>2</sup> con un ángulo de rotación de 64°, que comprende Valladolid, norte de Segovia, zona este de Salamanca y la zona sur de Burgos. El área que identifica la distribución de los censos forma una elipse de 15.121 km<sup>2</sup>, con un ángulo de rotación muy diferente, de 45°, y comprende las explotaciones de Valladolid, norte de Segovia y sureste de Burgos.



A. Explotaciones de broilers (420)

B. Explotaciones de ponedoras (179)

C. Explotaciones de reproductoras (64)

Figura 46. Imágenes del estudio de desviación estándar tipo 1 (SDV1) para las explotaciones de gallinas de no autoconsumo. En rojo se muestran la SDV1 de las explotaciones por su localización espacial, y en azul por su capacidad de censo por explotación. Elaboración propia.

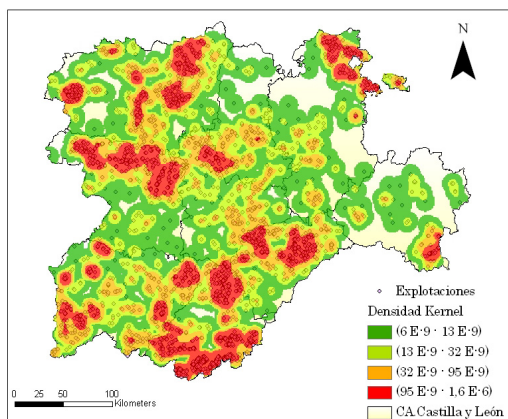
		Broiler	Ponedoras	Reproductoras
SDV	Radio mayor (Km)	117,60	121,90	122,20
	Radio menor (Km)	79,30	102,10	57,30
SDV censo	Radio mayor (Km)	103,40	66,20	84,00
	Radio menor (Km)	88,70	45,41	45,60
Área de SDV (km2)		29.297,49	39.100,23	21.997,62
Área de SDV censo (km2)		25.759,87	21.234,09	15.121,11
Diferencia de áreas (km2)		3.537,62	17.866,14	6.876,51

Tabla 25. Resultados del análisis de SDV y SDV ponderada en gallinas industriales

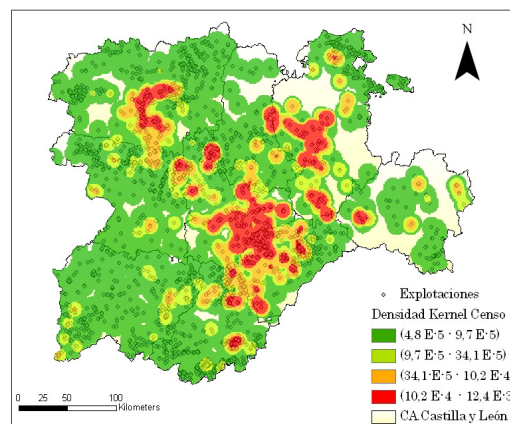


### 5.1.A.2. Análisis de la densidad de las explotaciones y de la densidad censal: Método Kernel

Los resultados del análisis de la densidad de las explotaciones avícolas de Cyl muestra una gran dispersión a nivel comunidad que presenta valores altos agrupados en cada una de las provincias (**Figura 47**). La densidad de las explotaciones tiene su mayor influencia en la ubicación de las 1.880 explotaciones de gallinas de autoconsumo, que presentan núcleos muy importantes en la zona sur de Ávila, zona centro de Segovia, así como en el norte de Zamora, León y Burgos. Sin embargo, la densidad censal se encuentra altamente concentrada, en Valladolid, Segovia, en el centro de León y de Burgos y en algunas zonas puntuales de Ávila y de Soria.



**Figura 47.** Densidad de las explotaciones avícolas en Cyl en 2008. Elaboración propia.



**Figura 48.** Densidad de los censos avícolas en Cyl en 2008. Elaboración propia.

Si se observan por separado las densidades de los censos de las explotaciones de ACGA y de gallinas industriales (**Figura 49** y **Figura 50** respectivamente) se puede apreciar que la densidad censal de las explotaciones de ACGA se encuentra distribuida de manera puntual y dispersa en 1,2 o 3 núcleos en cada provincia. Sin embargo, la densidad censal de las gallinas industriales, está altamente concentrada en Valladolid, Segovia, centro de León y centro de Burgos, y **representa en su mayoría el censo de toda la comunidad**, como se puede observar al comparar los mapas de densidad censal de toda la avicultura de Cyl (**Figura 48**) y de las gallinas industriales (**Figura 50**), que presentan prácticamente las mismas áreas de alta densidad.

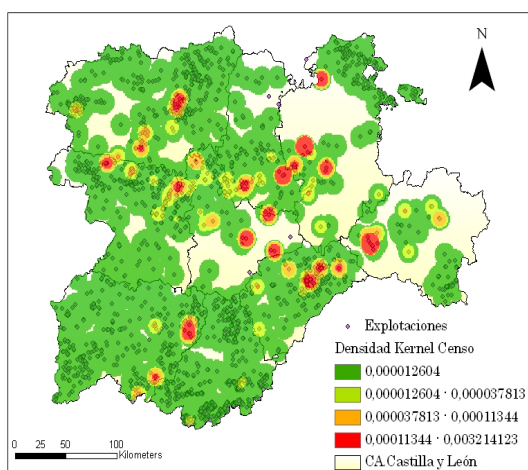


Figura 49. Densidad de los censos de ACGA en CyL en 2008. Elaboración propia.

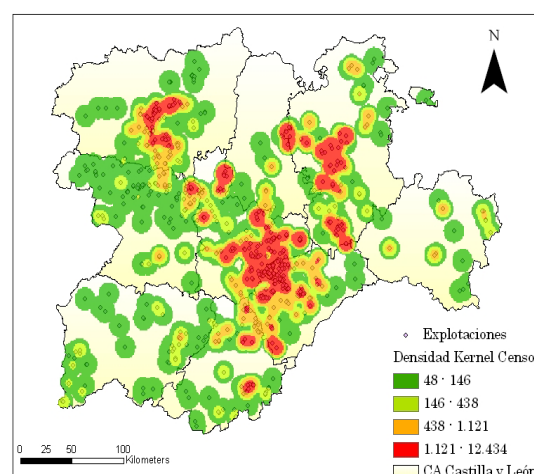


Figura 50. Densidad de los censos de gallinas industriales en CyL en 2008. Elaboración propia.

## 5.1.B. Resultados de la descripción y análisis de los patrones de movimientos de aves vivas en CyL

### 5.1.B.1. Estudio descriptivo de los movimientos de aves vivas en CyL

De los 12.096 movimientos de aves vivas dentro de CyL registrados en el IRMA, el 40% (4.722) son del año 2008 y un 60% del año 2009. La mayoría de los movimientos registrados (92,6%) son en gallinas industriales.

Las provincias que más movimientos de salida y entrada realizan son Valladolid, Segovia y León. Las provincias que más conexiones tienen son Segovia y Valladolid, con un 42% de los movimientos interprovinciales, seguidos en menor medida por León y Zamora (17%) y Segovia y Ávila (12%) (Tabla 26).

PROVINCIA	Ávila									
Ávila	188	Burgos								
Burgos	14	1.140	León							
León	15	136	2.024	Palencia						
Palencia	2	24	5	12	Salamanca					
Salamanca	109	1	0	0	11	Segovia				
Segovia	515	193	336	158	0	1.179	Soria			
Soria	2	0	8	0	0	5	203	Valladolid		
Valladolid	302	423	623	78	18	1.805	1	1.008	Zamora	
Zamora	161	15	711	1	62	25	0	316	267	
Total	1.308	1.932	3.707	249	91	3.014	204	1.324	267	

Tabla 26. Número de movimientos de aves vivas representado para la evaluación de las conexiones interprovinciales. Elaboración propia.

De manera mensual, los mayores valores de movimientos se registran en el periodo de Julio a Octubre, existiendo una tendencia anual de decrecimiento a final de año observada en los dos años de estudio (Figura 51).



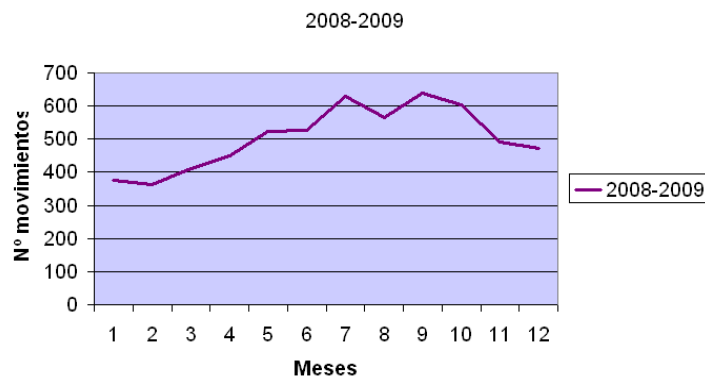


Figura 51. Numero de movimientos mensuales a lo largo del 2008-2009. Elaboración propia con los datos del IRMA.

El tipo de explotación influye mucho en el número de envíos diarios realizados. Destacan las **incubadoras** con una media de 1 movimiento cada cuatro días a otras explotaciones a lo largo de un año. Las explotaciones de broilers mantienen una media de 1 movimiento cada 22 días destinados en su mayoría a matadero. Las explotaciones de reproductoras y ponedoras mantienen una media de 1 movimiento cada 21 días y 30 días respectivamente, y en su mayoría tienen como destino otras explotaciones.

En los siguientes gráficos (Figura 52 y Figura 53) se representan los movimientos de aves vivas en CyL durante 2008-2009 entre explotaciones y a matadero. Se puede observar visualmente que en los dos tipos de movimientos, las **zonas de mayor afluencia se ubican en Valladolid, Segovia y León**.

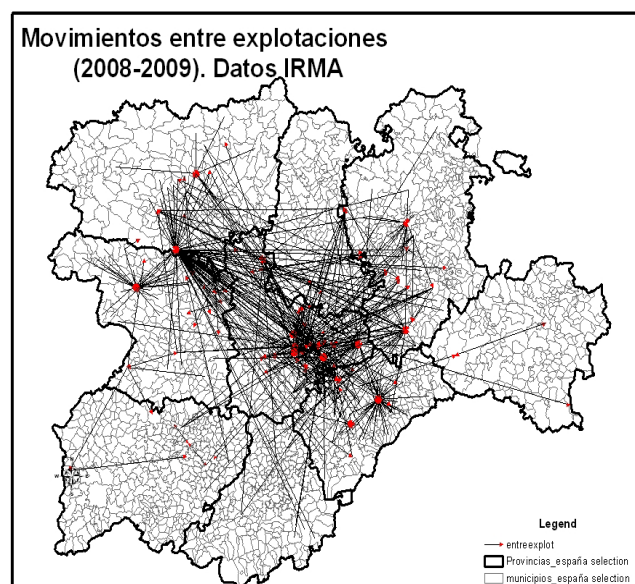


Figura 52. Movimientos de aves vivas entre explotaciones. Elaboración propia con los datos del IRMA (2008-2009) mediante el programa Arc View 3.2.

El 73% (8.927) de los movimientos registrados son **movimientos a matadero**, que se resumen en 1.001 movimientos repetidos, es decir con salida de la misma explotación y llegada al mismo matadero de destino. Los envíos a matadero son en un 95% de animales de carne o cebo. En CyL se localizan 16 mataderos dados de alta en el REGA del año 2008, con

mayor concentración en León, Valladolid y Segovia (Con 4, 3 y 3 mataderos respectivamente). Destaca el matadero de Cuellar (Segovia) como receptor de casi la mitad de todos los envíos a matadero registrados en este periodo de 2 años (aproximadamente 12,5 millones de lotes recibidos). Le siguen los mataderos de Villaquilambre (León), Valladolid, Ávila y Burgos.

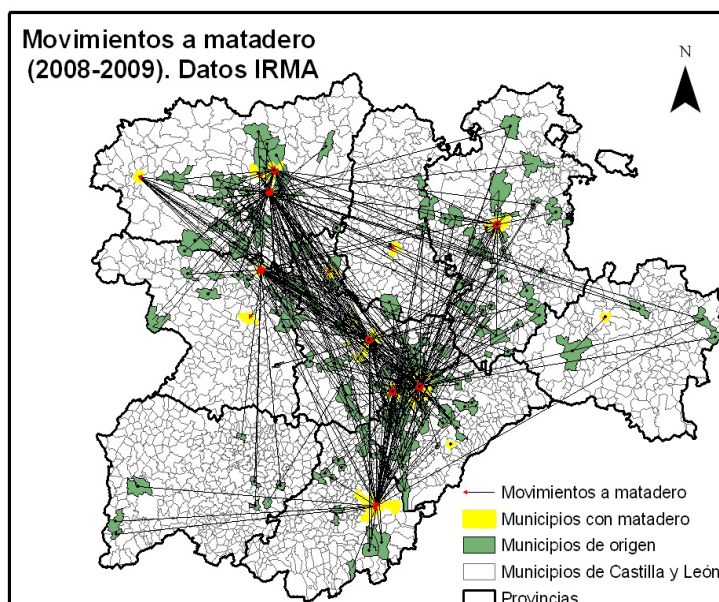


Figura 53. Movimientos de aves vivas a matadero. Elaboración propia con los datos del IRMA (2008-2009) mediante el programa informático Arc View 3.2.

### 5.1.B.2. Estudio espaciotemporal de los movimientos de entrada a los municipios

El análisis espaciotemporal de los movimientos de entrada a los municipios ha identificado 14 clusters o agrupaciones significativas de movimientos (valor de  $p \leq 0.001$ ), que se encuentran ubicadas en todas las provincias de CyL salvo en Ávila (**Figura 54**), abarcando un total de 901 municipios. Los radios de las agrupaciones oscilan entre 0-50Km y abarcan entre 1-41 municipios por cluster. Los radios de valor cero comprenden todo el municipio de localización así que realmente su valor es el área del municipio. Los **periodos mayoritarios de movimientos incluidos en las agrupaciones comprenden los meses de Octubre, Abril y Noviembre** en 6, 5 y 5 clusters respectivamente. Estas 14 agrupaciones comprenden 1.491 movimientos (un 12% del total). La media de los valores observados entre los esperados es de 6,1 y los máximos valores los encontramos en el cluster 7 ubicado en Valladolid (Tabla 27) que corresponde con un municipio con matadero.

Ocho de los 14 cluster incluyen algún matadero avícola activo (puntos rojos en la **Figura 54**), ya que como se ha citado antes el 73% de los movimientos tienen un matadero como destino.

Cluster significativos	Radio Km	Fecha de Inicio	Fecha de termino	Duración (Días)	Nº municipios	Valor de p	O	E	O/E
1	5	2009/7/5	2009/10/2	89	3	0,001	308	142,6	2,2
2	14	2008/11/7	2008/12/6	29	10	0,001	63	9,7	6,5
3	35	2008/4/11	2008/7/9	89	41	0,001	172	62,9	2,7
4	50	2009/11/2	2009/12/31	59	20	0,001	227	107,3	2,1
5	22	2008/7/10	2008/10/7	89	8	0,001	59	14,8	4,0
6	0	2008/1/12	2008/4/10	89	1	0,001	299	174,7	1,7
7	0	2008/10/8	2008/11/6	29	1	0,001	14	0,4	32,7
8	38	2008/3/12	2008/6/9	89	20	0,001	53	15,8	3,4
9	47	2008/1/12	2008/4/10	89	4	0,001	53	16,6	3,2
10	41	2008/8/9	2008/10/7	59	6	0,001	21	2,9	7,3
11	12	2008/6/10	2008/7/9	29	5	0,001	15	1,4	10,5
12	0	2009/10/3	2009/12/31	89	1	0,001	22	4,1	5,4
13	19	2009/10/3	2009/11/1	29	7	0,001	142	86,4	1,6
14	40	2008/2/11	2008/5/10	89	23	0,001	43	16,5	2,6

Tabla 27. Agrupaciones significativas de movimientos de entrada a explotaciones o mataderos de aves vivas en CyL (2008-2009) identificados mediante el modelo de permutación espaciotemporal de Kulldorf. Se indica el número de movimientos observados (O) y esperados (E) y su proporción (O/E). Elaboración propia.

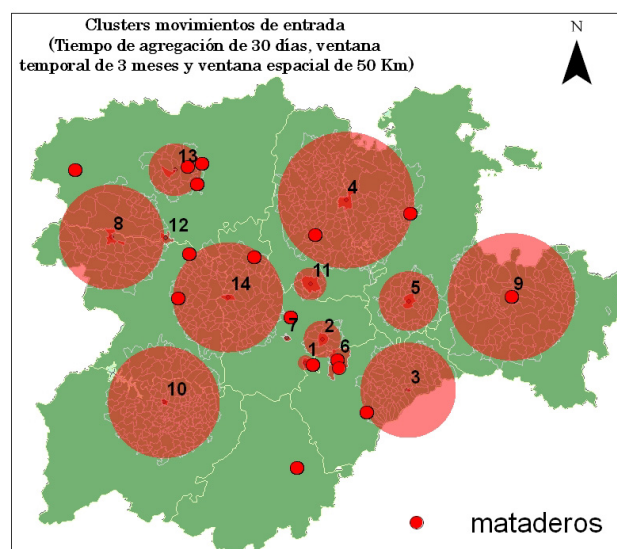


Figura 54. Representación de las superficies reales de las 14 agrupaciones significativas de movimientos identificadas mediante el análisis de permutación espaciotemporal de Kulldorf. Se han marcado los municipios comprendidos en las agrupaciones, así como las ubicaciones de los mataderos (Puntos rojos).Elaboración propia.

### 5.1.B.3. Estudio espaciotemporal de los movimientos de salida de los municipios

El análisis espaciotemporal de los movimientos de salida de los municipios ha identificado 18 agrupamientos significativos (valor de  $p \leq 0.001$ ) que abarcan las 9 provincias de CyL. Incluyen 625 municipios, con un número de municipios por cluster que oscila entre 1 y 26. Los radios comprenden entre 0-41Km. **Los meses incluidos en un mayor número de cluster son Marzo, Febrero y Noviembre** con 7,6 y 6 clusters respectivamente. Los 18 cluster comprenden un total de 1.548 movimientos (12.7%), mostrándonos que **existe un número de movimientos agrupados similar tanto en entrada como en salida**. La media de los valores

observados entre los esperados es de 5,74 y el máximo valor se localiza en el cluster 13 ubicado en Ávila (Tabla 28).

Cluster significativos	Radio Km	Fecha de Inicio	Fecha de término	Duración (Días)	Nº municipios	Valor de p	O	E	O/E
1	36	2009/7/5	2009/10/2	89	17	0,001	315	139,37	2,26
2	14	2008/5/11	2008/7/9	59	5	0,001	146	54,17	2,70
3	18	2009/10/3	2009/12/31	89	6	0,001	105	33,60	3,13
4	30	2009/11/2	2009/12/31	59	11	0,001	94	27,85	3,37
5	32	2008/3/12	2008/6/9	89	26	0,001	292	161,86	1,80
6	5	2009/10/3	2009/11/1	29	2	0,001	21	1,43	14,71
7	8	2008/1/12	2008/2/10	29	2	0,001	33	5,84	5,65
8	3	2009/11/2	2009/12/1	29	2	0,001	36	7,59	4,74
9	34	2008/1/12	2008/4/10	89	4	0,001	53	16,68	3,18
10	22	2008/8/9	2008/11/6	89	14	0,001	188	110,96	1,69
11	12	2008/3/12	2008/5/10	59	2	0,001	38	10,20	3,73
12	21	2008/2/11	2008/3/11	29	8	0,001	68	27,38	2,48
13	0	2008/2/11	2008/3/11	29	1	0,001	10	0,53	18,77
14	18	2008/1/1	2008/1/11	10	3	0,001	22	4,02	5,47
15	41	2009/1/6	2009/4/5	89	7	0,001	86	41,63	2,07
16	0	2008/2/11	2008/5/10	89	1	0,001	15	1,90	7,88
17	0	2008/11/7	2008/12/6	29	1	0,001	17	2,91	5,85
18	12	2008/8/9	2008/10/7	59	3	0,001	9	0,65	13,76

Tabla 28. Agrupaciones significativas de movimientos de salida de explotaciones de aves vivas en CyL (2008-2009) identificados mediante el modelo de permutación espaciotemporal de Kulldorf. Se indica el número de movimientos observados (O) y esperados (E) y su proporción (O/E). Elaboración propia.

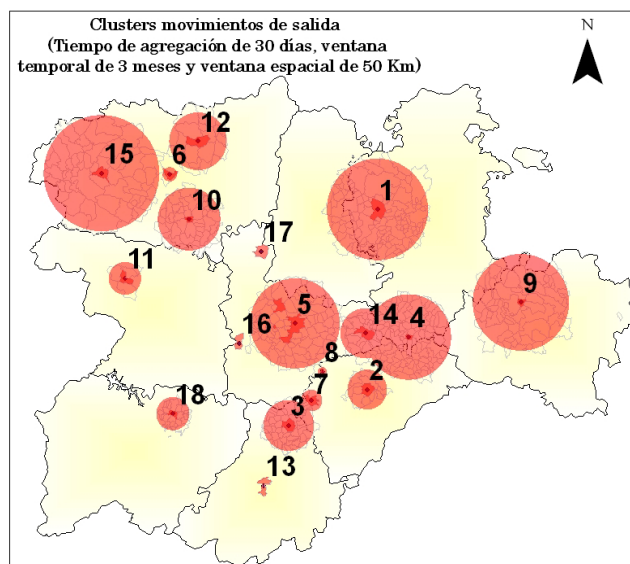


Figura 55. Representación de las superficies reales de las 18 agrupaciones significativas de movimientos de salida identificadas mediante el análisis de permutación espaciotemporal de Kulldorf. Se han marcado los municipios comprendidos en las agrupaciones. Elaboración propia.

## 5.2. Resultados del Modelo I. Zonificación del riesgo de difusión de la IAAP en explotaciones de gallinas industriales



### 5.2.A. Resultado del análisis de los factores de riesgo:

#### 5.2.A.1. Densidad y censo de explotaciones de gallinas industriales

##### 5.2.A.1.a. Densidad de explotaciones de gallinas industriales



La densidad media de explotaciones de gallinas industriales identificada en CyL es de 0,004 granjas/Km<sup>2</sup>, y en las áreas con explotaciones se ha identificado una media de 1,14 granjas/km<sup>2</sup> con una desviación estándar de 0,57. La densidad en cuanto a superficie provincial alcanza los máximos valores de promedio por explotación en Segovia.

El análisis de la densidad kernel de las explotaciones de gallinas industriales ha identificado los **mayores valores**, por orden de importancia, en las provincias de **Segovia, Valladolid y León** con valores de 0,2; 0,15; y 0,14 respectivamente (**Figura 56**). Los resultados numéricos por provincias de dicho análisis pueden consultarse en la **Tabla 52** del **Anexo IV**.

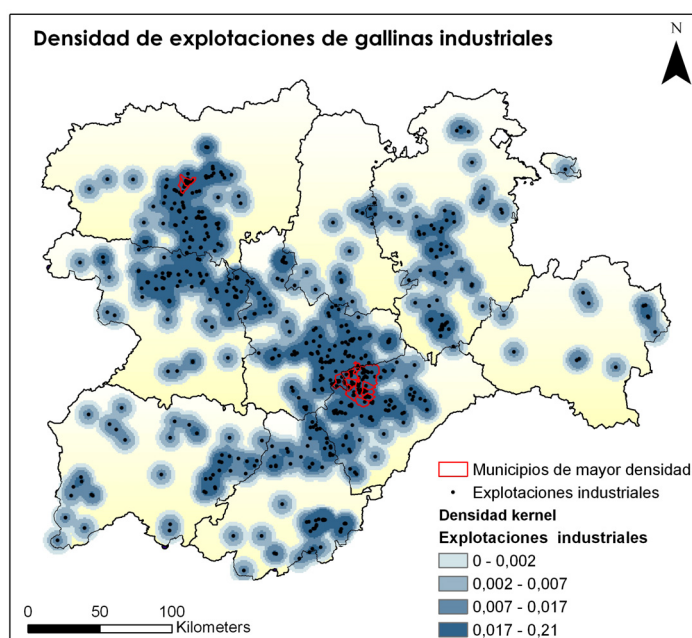


Figura 56. Densidad Kernel de las explotaciones de gallinas industriales. Los municipios de mayor densidad aparecen marcados en rojo. Elaboración propia a partir de datos REGA 2008.

El diagrama de caja (**Figura 57**) muestra que la densidad de las explotaciones de gallinas industriales sigue una distribución asimétrica positiva (que ajusta a una distribución inversa de Gauss, **Figura 58**), donde las explotaciones situadas en áreas de mayor densidad están menos concentradas. Sin embargo en las áreas de baja densidad presentan una menor dispersión. El cuartil de mayor valor comprende las granjas de densidad kernel entre



0,017-0,21. Los máximos valores o **valores extremos** (outliers) se han representado en rojo en el mapa y en el diagrama de caja, y **comprenden 29 granjas con una densidad kernel superior a 0,16 que se encuentran ubicadas en Segovia**. De las 29 explotaciones, 24 son de broilers y 5 de gallinas reproductoras.

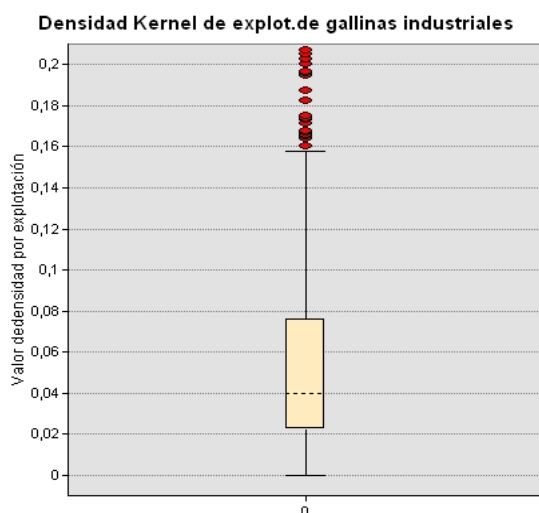


Figura 57. Diagrama de caja de la densidad de las explotaciones de gallinas industriales en CyL de alta en 2008

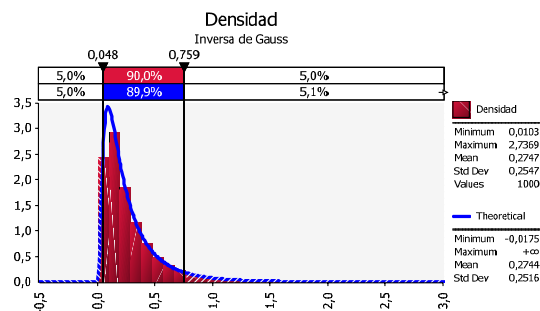
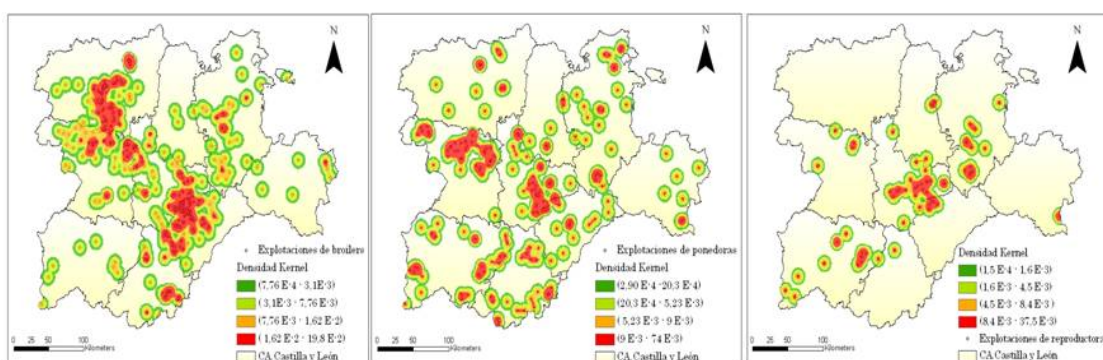


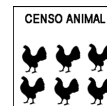
Figura 58. Distribución de la variable "Densidad". Elaboración propia. Mediante el programa informático @Risk®.

Comparando la **Figura 56** con las **Figura 59 A, B y C**, se puede observar que el patrón de la distribución de densidades viene altamente marcado por las explotaciones de broilers, que con 420 granjas comprenden el 62,7% de gallinas industriales. Sin embargo, es destacable que la zona de mayor densidad (área norte de la provincia de Segovia y sur de Valladolid) es también de importancia en cuanto a la presencia de explotaciones de reproductoras y ponedoras. También en Burgos, Salamanca y norte de Zamora, coinciden altas densidades de los tres tipos productivos. **Destaca la homogeneidad de la distribución de las explotaciones de gallinas ponedoras en toda la superficie de CyL (Figura 59.B.).**



A. Densidad de broilers B. Densidad de ponedoras C. Densidad de reproductoras  
Figura 59. Densidad Kernel de las explotaciones de gallinas industriales separadas por tipo productivo. Elaboración propia a partir de los datos REGA 2008.

A cada una de las explotaciones, se le ha asignado el valor de densidad del área donde se encuentran ubicadas.

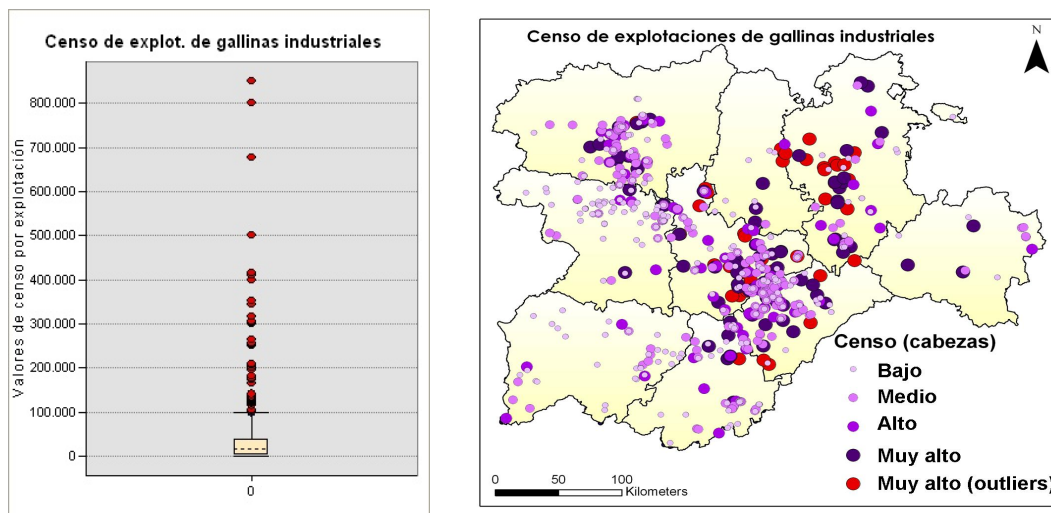


### 5.2.A.1.b. El censo de explotaciones en gallinas industriales

Los resultados de la aplicación de una categoría de riesgo (cuatro rangos) a cada explotación basada en los valores de probabilidad de infección (según el estudio de Busani et al., 2009), muestran que **las provincias de Burgos, Valladolid y Segovia presentan los promedios más altos de riesgo**. Burgos y Valladolid, tienen el mayor porcentaje de explotaciones de mayor categoría de riesgo (55% y 38% respectivamente), y Zamora y Salamanca el mayor porcentaje de explotaciones con el menor valor de la categoría de riesgo (69% y 66% respectivamente). La localización de las explotaciones representadas en función de su categoría de riesgo se muestra en el mapa de la **Figura 60**.

Dentro de la categoría de mayor riesgo (Muy alto riesgo: censo >50.000 cabezas) Burgos presenta homogeneidad en el tipo de explotación, en Segovia las explotaciones en esta categoría son en su mayoría broilers, y Valladolid presenta fundamentalmente ponedoras y broilers (58% y 32% del número de explotaciones de alto riesgo respectivamente). Los resultados numéricos por provincias de dicho análisis pueden consultarse en la **Tabla 53** del **Anexo IV**.

El censo de las explotaciones de gallinas industriales sigue una distribución asimétrica positiva, como se puede observar en el diagrama de caja (**Figura 60**, izquierda), presentando una gran desviación que ajusta a una distribución exponencial (**Figura 61**).



**Figura 60.** Izquierda: Diagrama de caja de los censos por explotación en gallinas industriales. Derecha: Mapa de los censos por explotación acordes con la clasificación de riesgo de Busani et al., (2009). En rojo en ambas figuras las explotaciones con valores extremos superiores a 100.000 cabezas. Elaboración propia a partir de datos REGA 2008.

El 95% de las explotaciones se concentran en censos inferiores a 100.000 cabezas, salvo 56 explotaciones con valores extremos (marcados en rojo, en la **Figura 60** en el diagrama de caja y en el mapa) que suman un total de 56 explotaciones ubicadas en Valladolid (26) y Burgos (18) en su mayoría, y el resto en Segovia (4), en Ávila (4), León (3) y Soria (1).

Como se puede observar en el gráfico de densidades representado en el apartado 5.1.A. (**Figura 50**) las provincias con una densidad censal superior son, en orden de importancia, Valladolid, Segovia y Burgos y también se observan zonas puntuales de alta densidad en el norte de Ávila. **La densidad de censo media en CyL es de 202 aves/km<sup>2</sup> y en áreas con explotaciones la media es de 60.933 aves/km<sup>2</sup>.** Los resultados numéricos por provincias de dicho análisis pueden consultarse en la **Tabla 53 del Anexo IV**.

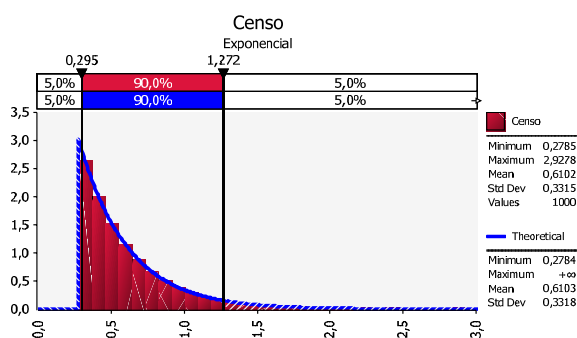


Figura 61. Distribución de la variable "Censo". Elaboración propia mediante el programa informático @Risk ©.

### 5.2.A.2. Bioseguridad asociada al tipo de explotación. Encuestas de bioseguridad.



El resultado del análisis de la bioseguridad en gallinas industriales identifica **las explotaciones de reproductoras con los valores más altos de bioseguridad en las encuestas**, con un promedio de 87 puntos sobre 100 en un rango de 70-93. Las **explotaciones de broilers presentan** un rango que oscila entre 24-70 puntos y **el promedio más bajo** con 50 puntos sobre 100. Los **valores mínimos los presentan las explotaciones de gallinas ponedoras**, pero a su vez también la mayor varianza en sus valores de bioseguridad, oscilando el rango entre 12,67-83, y con promedio de 60,33 (**Tabla 29**). Las incubadoras se han ponderado con un valor de 87,31 correspondiente al valor medio de las encuestas de reproductoras. La distribución de la variable Bioseguridad ajusta a una distribución log-logística (**Figura 62**).

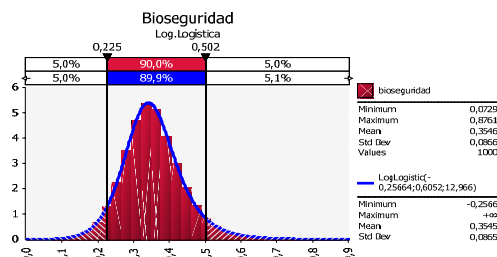


Figura 62. Distribución de la variable "Bioseguridad". Elaboración propia mediante el programa informático @Risk.

	Promedio	Max	Min	Desv.Estan
Broilers	50,53	70	24	12,52
Ponedoras	60,33	83	12,67	15,339
Reproductoras	87,31	93	70	5,06
Incubadoras	87,31	87,31	87,31	87,31

Tabla 29. Promedio de los valores de las encuestas de bioseguridad por tipo productivo de explotación.

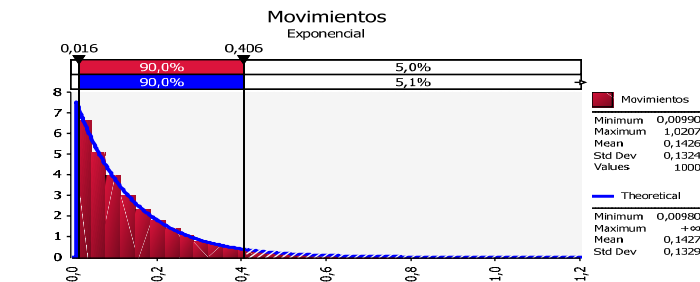


La asociación entre censos y bioseguridad analizada mediante la Rho de Spearman mostró correlación significativa ( $p=0,1$ ) confirmando la consistencia de las estimaciones para las granjas sin datos de encuestas de bioseguridad conforme a la similitud en la bioseguridad de los diferentes rangos de censos.



### 5.2. A.3. Movimientos comerciales de aves vivas

Los resultados del análisis de redes de movimientos de aves en Cyl durante 2008-2009, identificaron una red formada por 326 vértices (16 incluían matadero y 310 sólo explotaciones), con 12.093 movimientos unidos mediante un total de 2.768 contactos. El 62% de los municipios realizaron los mismos movimientos de aves vivas a otros municipios, con una media de 13 y una desviación estándar de 21. El análisis espaciotemporal de los movimientos (Apartado 5.1.B.) mostró que la agrupación era similar en los movimientos de entrada y de salida, permitiéndonos usar el grado de centralidad total en ambos tipos de movimientos sin esperar sesgos derivados de esta diferencia. La variable movimientos presenta una distribución exponencial (**Figura 63**).



**Figura 63.** Distribución de la variable "Movimientos".  
Elaboración propia mediante el programa informático @Risk.

La importancia de los vértices de la red (municipios) en cuanto a su valor de grado de centralidad total (CT) y número de contactos de cada vector (NM) se representa en las **Figura 64 y Figura 65** respectivamente. **Los vértices con mayor CT** son los municipios de Cuellar (2.587; 10,7%) y Villaquilambre (1.539; 6,36%) en las provincias de **Segovia y León** respectivamente. **Los vértices con mayor NM** están representados por **2 municipios de Segovia** con 150 y 350 contactos (Cuellar y Cantalejo) que representan un 5,4% y un 12,6% del total de los contactos de la red (2.768).

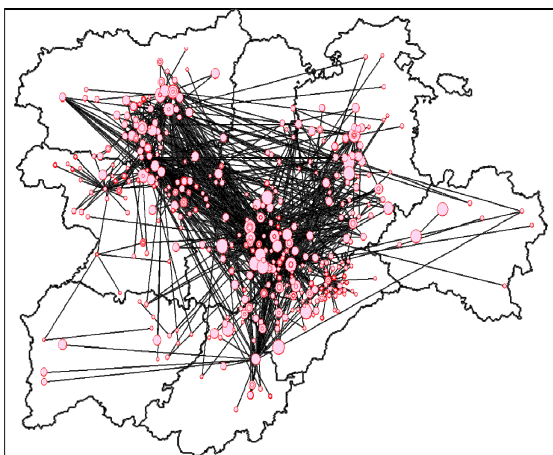


Figura 64. Representación mediante proporcionalidad de tamaño del grado de centralidad de cada vértice de la red. Elaboración propia mediante el programa Pajek.

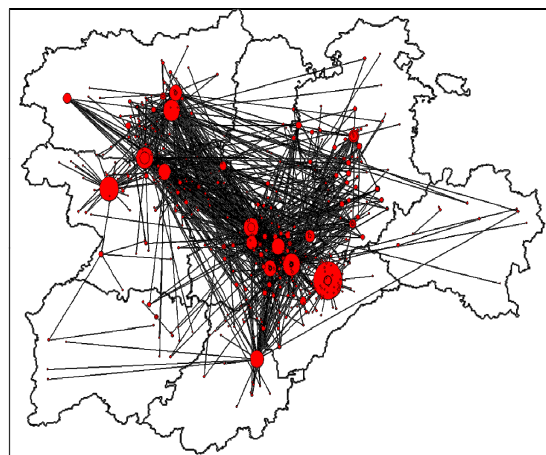


Figura 65. Representación mediante proporcionalidad de tamaño del número de movimientos de cada vértice de la red. Elaboración propia mediante el programa Pajek.

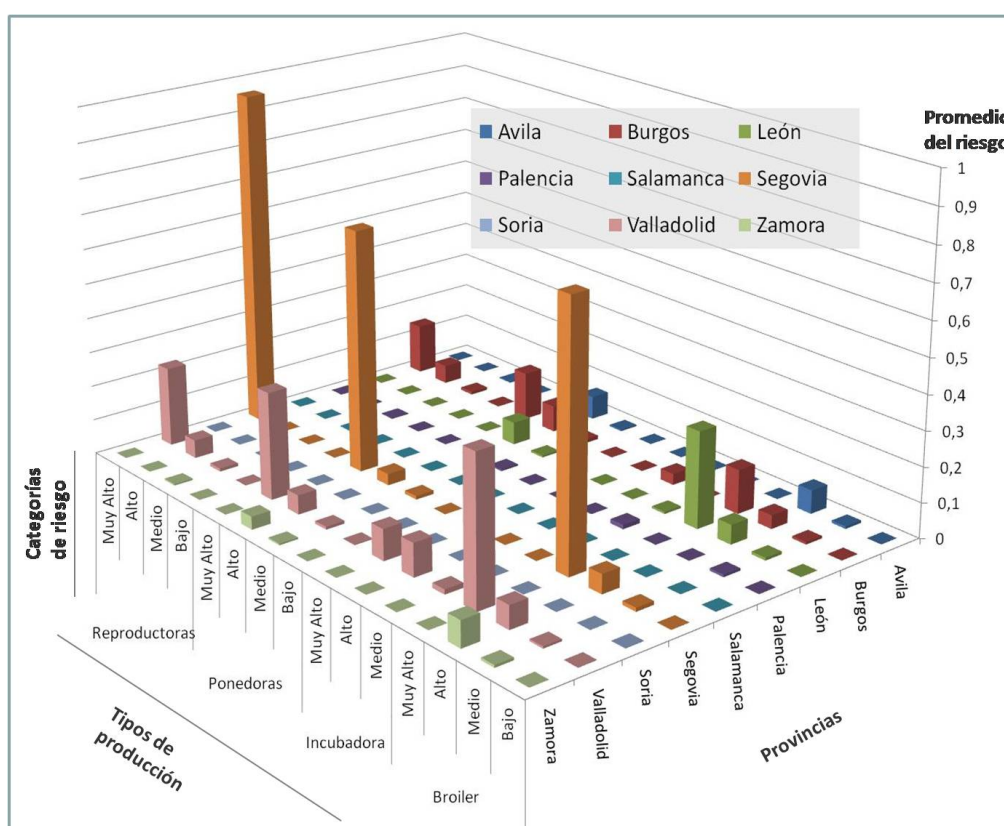
Los diez municipios en los cuales se identificó un mayor riesgo de vértice en la red (**RV**) fueron Cuellar y Cantalejo (Segovia), Onzonilla (León), Valladolid (Valladolid), Villaquilambre (León), Montemayor de Pililla (Valladolid), Ávila (Ávila), Burgos (Burgos), Iscar (Valladolid) y Alija del Infantado (León). El valor de riesgo definido por el análisis de redes se extrapoló a cada explotación. Las provincias con explotaciones que presentaban valores superiores de RV son Segovia, Valladolid y León (**Tabla 30**).

Provincia	Mínimo	Máximo	Media	Desviación estandar
Ávila	1,45E-05	0,05	0,02	0,02
Burgos	0	0,32	0,09	0,09
León	0	0,61	0,10	0,13
Palencia	0	0,07	0,02	0,02
Salamanca	0	0,03	0,00	0,01
Segovia	2,92E-03	1,00	0,19	0,25
Soria	0	0,01	0,00	0,00
Valladolid	1,17E-03	0,59	0,15	0,15
Zamora	1,60E-03	0,33	0,06	0,06

Tabla 30. Estadística descriptiva a nivel provincial de los valores de riesgo de cada explotación por movimientos de aves vivas. Elaboración propia.

### 5.2.B. Resultados de la unificación de capas, zonificación del riesgo y evaluación del resultado

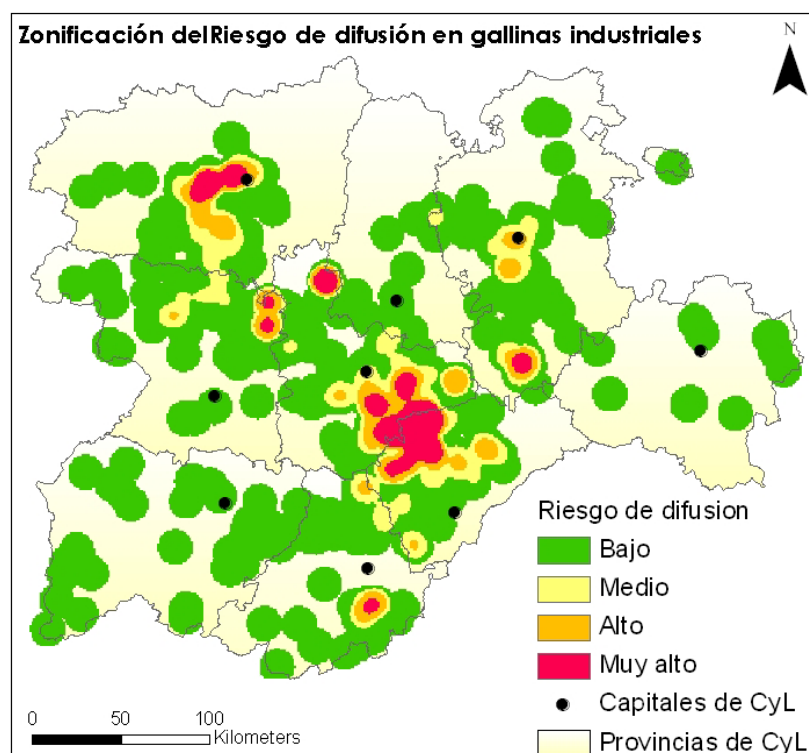
El resultado del riesgo de difusión de la IAAP en gallinas industriales por explotación (RE) mostró **los promedios máximos en Segovia y Valladolid (Figura 66)**. Los valores máximos por explotación se localizaron en 16 explotaciones de broilers pertenecientes a la provincia de Segovia cercanas a la frontera con Valladolid. **Los promedios máximos generales en cada provincia los representan las explotaciones de broilers**, seguidos de las ponedoras, reproductoras e incubadoras. Salvo en el caso de Segovia donde las explotaciones de reproductoras tienen el promedio máximo superior al de los broilers (Figura 66).



**Figura 66.** Representación tridimensional del promedio del riesgo del Modelo I por tipo de explotación, provincia y cuartiles de riesgo en los que se ha conformado la zonificación del riesgo (Muy alto, Alto, Medio y Bajo). Elaboración propia.

En el mapa de zonificación del riesgo de difusión en gallinas industriales (Figura 67), se observa una distribución focalizada del riesgo que se concentra en dos núcleos, uno en la frontera de Segovia con Valladolid y otro en la zona circundante a León capital. En estas tres provincias se localizan el mayor número de explotaciones en zonas de Muy alto riesgo. También se observan zonas más puntuales de alto riesgo en el norte de Valladolid, sur de Burgos, noreste de Zamora y sur de Ávila. La distribución de los valores de riesgo no es homogénea y presenta una orientación en el eje diagonal que une Segovia, Valladolid y León.

Los resultados muestran que **las explotaciones de broilers presentan el mayor número de explotaciones en zona de riesgo Muy Alto y Alto**, aunque hay que tener en cuenta que son el tipo de explotaciones más numerosa en CyL. Por ello, si se analizan los resultados relativos dentro de cada uno de los tipos productivos, se observa que las reproductoras presentan un mayor porcentaje de sus explotaciones (31%) en zonas de Muy alto riesgo, seguidas de las explotaciones de broilers (en un 28%) (**Tabla 31**).



**Figura 67.** Zonificación del riesgo de difusión de la IAAP en gallinas industriales. El resultado de riesgo se muestra en cuartiles cloropléticos mediante el método Kernel. Elaboración propia.

En el caso de Segovia hay que destacar que el valor principal provincial de riesgo tiene su origen en las explotaciones de broilers que comprende el 10% del total de explotaciones de CyL en una zona de Muy alto riesgo.

Tipo de explotación	Categoría Riesgo del Modelo I	NUMERO DE EXPLOTACIONES (% DEL TOTAL) POR PROVINCIA									% relativo por tipo de explotación	Nº de explot. por tipo y categoría de riesgo
		Av	Bur	León	Pa	Sa	Se	So	Va	Za		
Broiler	Bajo	8 (1,19%)	13 (1,94%)	11 (1,64%)	3 (0,44%)	6 (0,9%)	5 (0,74%)	8 (1,19%)	8 (1,19%)	15 (2,24%)	18,30%	77 (11,5%)
	Medio	17 (2,54%)	6 (0,89%)	28 (4,18%)	1 (0,15%)		17 (2,54%)		21 (3,14%)	17 (2,54%)	25,40%	107 (16%)
	Alto	23 (3,43%)	10 (1,5%)	30 (4,48%)			21 (3,14%)		15 (2,24%)	21 (3,14%)	28,80%	120 (17,9%)
	Muy Alto	1 (0,15%)	1 (0,15%)	27 (4,03%)			71 (10,6%)		16 (2,39%)		27,30%	116 (17,3%)
Incubadora	Medio			1 (0,15%)	1 (0,15%)	1 (0,15%)			1 (0,15%)		57,10%	4 (0,59%)
	Alto		1 (0,15%)						1 (0,15%)		28,50%	2 (0,3%)
	Muy Alto								1 (0,15%)		14,20%	1 (0,15%)
Ponedoras	Bajo	9 (1,34%)	9 (1,34%)	4 (0,6%)	6 (0,9%)	25 (3,73%)	1 (0,15%)	4 (0,59%)	1 (0,15%)	15 (2,24%)	41,50%	74 (11,06%)
	Medio	5 (0,74%)	5 (0,74%)	2 (0,3%)	2 (0,3%)		5 (0,74%)		9 (1,34%)	13 (1,94%)	23,00%	41 (6,12%)
	Alto	2 (0,3%)	2 (0,3%)	1 (0,15%)			5 (0,74%)		11 (1,64%)	10 (1,5%)	17,40%	31 (4,63%)
	Muy Alto		4 (0,59%)				4 (0,59%)		23 (3,43%)	1 (0,15%)	17,90%	32 (4,78%)
Reprod.	Bajo		5 (0,74%)		1 (0,15%)	9 (1,34%)					23,40%	15 (2,24%)
	Medio	1 (0,15%)	3 (0,44%)		1 (0,15%)	3 (0,44%)			4 (0,59%)	4 (0,59%)	25	16 (2,39%)
	Alto		3 (0,44%)						10 (1,49%)		20,30%	13 (1,94%)
	Muy Alto		3 (0,44%)				11 (1,64%)		6 (0,9%)		31,20%	20 (3%)
Total provincial		66	65	104	15	44	140	12	127	96		669
		9,86%	9,70%	15,50%	2,24%	6,57%	20,90%	1,79%	18,98%	14,35%		100%

Tabla 31. Tabla cruzada para la consideración del número de explotaciones (y su porcentaje respecto al total) incluidas en las diferentes categorías de riesgo (Muy alto, Alto, Medio y Bajo) de manera provincial y por tipo de explotaciones. Elaboración propia.



## 5.2.C. Evaluación espacial de los resultados del modelo I

### 5.2.C.1. Evaluación de la correlación espacial:

El resultado del test de Moran indica que los datos tienen una alta correlación espacial, con una alta significación del índice de agrupación ( $I = -0,14$ , Valor de  $Z = 30,29$ ; Valor de  $p = 0,00$ ). Una  $Z$  de 30,29 se interpreta como "30,29 desviaciones estándar de la distancia de la media" con una alta significación marcada por  $p$ . (Goodchild, 1989). Esto significa que **la distribución del riesgo no es homogénea** y presenta un **patrón de correlación espacial**, lo cual se traduce en **agrupaciones del riesgo**.

### 5.2.C.2. Identificación de los focos calientes (Getis y Ord):

El resultado del test de Getis y Ord ha identificado **25 municipios como “focos calientes”**. En ellos la desviación estandar con respecto al riesgo del Modelo I es superior a 2,58 (En rojo en la **Figura 68**). Los “focos calientes” se localizan en Segovia, donde se encuentran los municipios de mayor valor, e incluyen un total de 14; en Valladolid 8 y en León 3 (**Tabla 32**). Como se puede observar en la **Figura 68**, los valores de estos focos son muy puntuales presentando una ubicación en el eje diagonal que une Segovia, Valladolid y León, siguiendo el mismo patrón mostrado en el mapa de zonificación del riesgo (**Figura 67**).

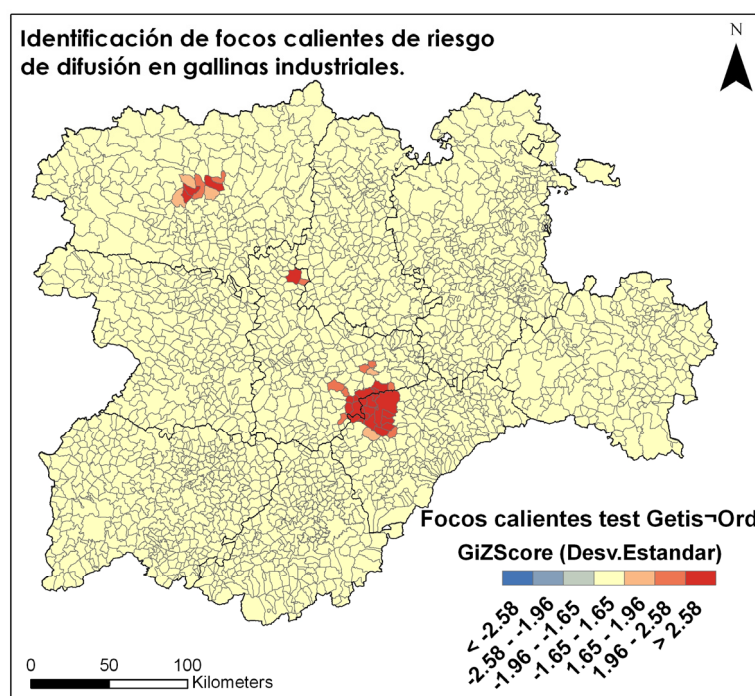


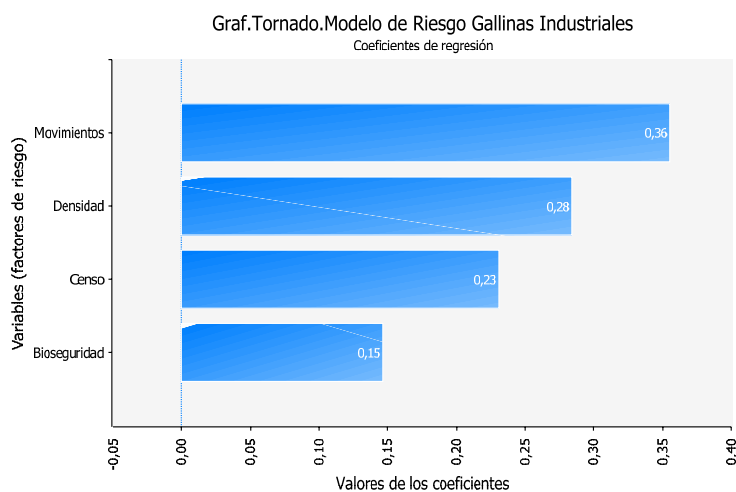
Figura 68. Mapa de de “focos calientes” de riesgo de difusión de IAAP en gallinas industriales a nivel municipal. Elaboración propia.

Provincia	Municipio	Valor de Z	Provincia	Municipio	Valor de Z
León	San Andrés del Rabanedo	2,8	Segovia	Fuente el Olmo de Iscar	3,4
	Turcia	4,8		Villaverde de Iscar	5,6
	Carrizo	5,3		Fresneda de Cuellar	7,0
Valladolid	Megeces	3,1		San Martin y Mudrian	7,1
	San Miguel del Arroyo	3,2		Mata de Cuellar	7,8
	Villalon de Campos	3,6		Remondo	10,2
	Cogeces de Iscar	3,9		Valladolid	10,3
	Torrescarcela	5,9		Pinarejos	10,8
	Pedrajas de San Esteban	7,8		Samboal	12,1
	Viloria	9,6		Chane	12,1
	Isicar	10,1		Sanchonuno	13,3
				S.Cristobal de Cuellar	14,5
				Cuellar	15,1
				Gomezterracin	17,1

Tabla 32. Municipios identificados como “focos calientes” de riesgo de difusión para la IAAP en Cyl.

### 5.2.D. Análisis de sensibilidad del modelo I de zonificación del riesgo de difusión en gallinas industriales

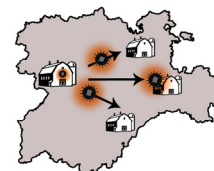
Los resultados del análisis de sensibilidad mediante el método Monte Carlo, muestran que **las variables más influyentes en el modelo I son los “Movimientos”** con unos coeficientes de regresión de 0,36, esto significa que un aumento de 1 en la variable “movimientos” incrementa en 0,36 el riesgo en el resultado final. **Las variables “Densidad” y el “Censo” presentan unos coeficientes de regresión de 0,28 y 0,23, y por último la “Bioseguridad” un coeficiente de 0,15.** En la **figura 83** se muestran los coeficientes de regresión mediante el gráfico tornado.



**Figura 69. Gráfico tornado resultante del análisis de sensibilidad del modelo mediante la repetición del mismo en 1.000 iteraciones. Elaboración propia.**



### 5.3. Resultados del Modelo II. Modelo dinámico del riesgo de difusión de la IAAP en explotaciones de gallinas industriales



#### 5.3. A. Resultados generales del modelo II de difusión estocástico de la IAAP en granjas industriales en CyL

##### 5.3.A.1. Resultados generales del análisis de la dinámica de la difusión de una epidemia de IAAP en gallinas industriales



En la simulación de una epidemia de IAAP se han obtenido unos resultados que muestran un **tamaño medio de la epidemia (media de granjas infectadas) de 2,06** (Con una desviación típica de 1,53). Es decir, si hubiera una epidemia se infectarían el 0,3% del total de las explotaciones de gallinas industriales en CyL. **Valladolid y Zamora presentan los promedios más elevados con valores de 2,45 y 2,37, sin embargo, los valores máximos de granjas infectadas por epidemia se localizan en Segovia (con 50 granjas) y Valladolid (con 42) (Tabla 33 y Figura 70).** El tamaño medio de la epidemia se ha considerado el parámetro que mejor representa la difusión de la enfermedad, por lo tanto se ha traducido como riesgo de difusión de IAAP.

Provincia	Promedio	Desv. Estandar	Máx.	Mín.
Ávila	1.92	0.90	23	1
Burgos	2.11	1.65	29	1
León	1.49	0.77	24	1
Palencia	1.74	1.20	38	1
Salamanca	2.22	1.76	36	1
Segovia	2.05	1.23	50	1
Soria	1.17	0.50	8	1
Valladolid	2.45	1.84	42	1
<b>Zamora</b>	<b>2.37</b>	<b>1.21</b>	<b>28</b>	<b>1</b>

Tabla 33. Promedio de las granjas infectadas en la simulación de una epidemia de IAAP en CyL. Elaboración propia con los datos obtenidos mediante el programa informático Interspread+.

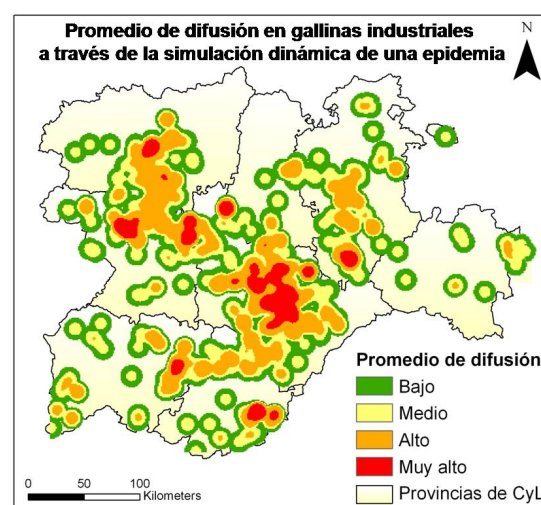


Figura 70. Distribución del tamaño medio de la epidemia considerado como valor de riesgo y dividido en cuartiles representados de manera cloroplética en el mapa. Elaboración propia.

El **periodo de mayor difusión** (mayor número nuevo de granjas infectadas) desde el inicio de la epidemia tiene lugar entre el **2º y el 3º día**. La **media de la duración** de una epidemia es de 2,56 días, con **máximos de 33 días**.

El **promedio de granjas detectadas en cada epidemia es de 2,06**, siendo el **periodo más probable de detección entre los días 7 y 8** desde el inicio de la epidemia.

El **promedio de animales infectados es muy variable dependiendo del tipo de explotación que haya sido el origen de la epidemia**. Los resultados totales muestran un



**promedio de 71.930 cabezas por epidemia** con una desviación estandar de 489.342, y alcanzando un **máximo de 11.129.861 animales infectados**. Los valores más extremos los muestran las incubadoras. Los resultados por tipo de explotación se muestran en la **Tabla 34**.

	Tipo de explotación			
	Broiler	Incubadora	Ponedoras	Reproductoras
Promedio de animales infectados	36.874	2.738.119	56.178	53.082
Máximo nº de animales infectados	453.419	11.129.862	1.819.171	215.467
Desviación estandar	50.019	4.150.547	161.851	38.843

Tabla 34. Número de animales infectados en función del tipo de explotación de origen de la epidemia.

Las **reproductoras e incubadoras** son los tipos de explotación que **mayor número de granjas infectarían**, en caso de ser el foco inicial, con **promedios de difusión de 4,56 y 4, 58** granjas y alcanzando **máximos de 50 y 27** granjas respectivamente. En el caso de las explotaciones de ponedoras y broilers, los promedios son de 1,93 y 1,69 con máximos de 42 y 27 respectivamente (**Figura 71**).

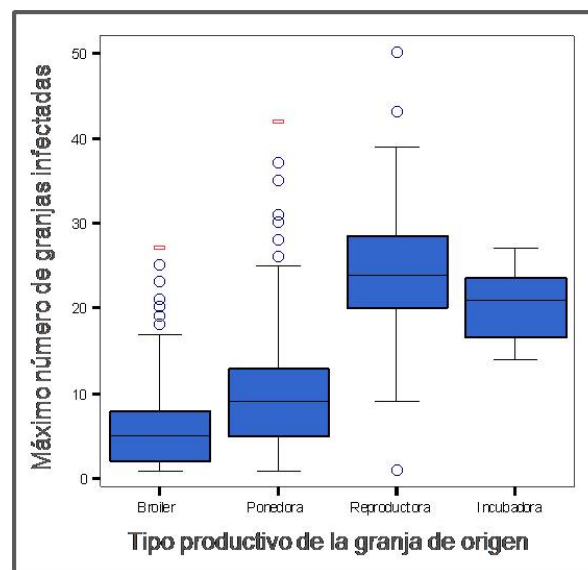


Figura 71. Diagrama de cajas comparado de la distribución de los resultados del número máximo de granjas infectadas en función del tipo productivo de la granja de origen. Los círculos representan los valores extremos y los rectángulos rojos los valores muy extremos. Elaboración propia mediante programa informático SPSS®.

### 5.3.A.2. Resultados generales del análisis de consecuencias de la difusión de la IAAP en gallinas industriales

Los resultados de la simulación de una epidemia muestran que el **promedio de granjas "sacrificadas" por epidemia es de 2,06**, siendo **el periodo más probable de sacrificio entre los días 8 y 10** desde el inicio de la epidemia. Según la normativa vigente en España, se mantendría la restricción de zonas durante un mes y de acuerdo con el Artículo 10.4.3. del

Código sanitario para los animales terrestres de la OIE (2009), un status sanitario de país afectado durante 3 meses a partir del momento de infección de todas las explotaciones.

**El promedio de animales infectados, y por lo tanto sacrificados debido a la normativa vigente, es de 71.930 llegando a un máximo de 11.129.861 animales infectados.** Con estos datos se ha realizado una aproximación al coste de la epidemia, con una estipulación a groso modo a través de la interpolación en una curva de asociación de costes y número de animales sacrificados, elaborada a partir de los costes de otros países afectados (**Figura 72**) Los **costes totales de la epidemia podrían oscilar entre 12 millones de euros con un máximo de 87 millones de euros en el caso del peor escenario.**

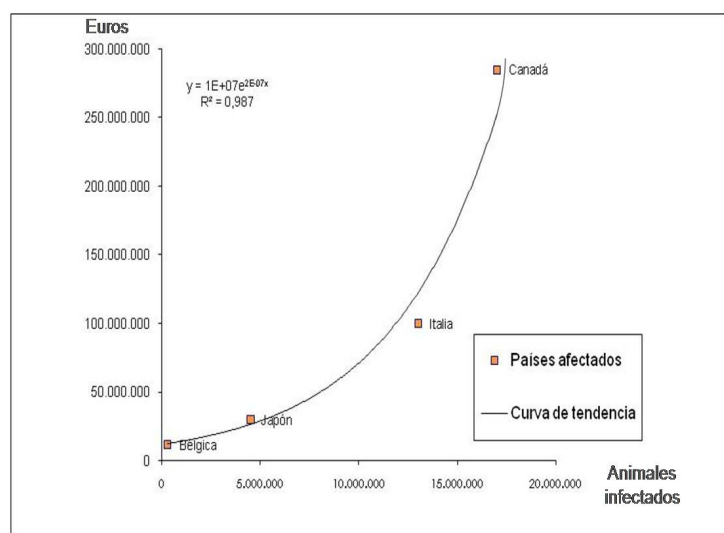
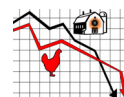


Figura 72. Curva de tendencia de la relación entre animales sacrificados y coste económico de diferentes epidemias de IAAP en aves domésticas entre 1999-2008. Elaboración propia.

### 5.3.B. Resultados del modelo II diferenciando las áreas en función de la zonificación de riesgo del modelo I.

#### 5.3.B.1. Resultados de la dinámica de la enfermedad del Modelo II en las zonas de riesgo del modelo I.



Los resultados del Modelo II en las zonas de riesgo identificadas por el Modelo I, muestran que el **tamaño medio de la epidemia** (media de granjas infectadas), en la **zona de mayor riesgo ("Muy alto") es de 2,6** (Desviación típica de 1,7), con un **máximo de 50** granjas afectadas por epidemia. Este valor es **superior en un 10, 30 y 40% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo** respectivamente. En la **zona de riesgo Muy alto la media de duración de las epidemias de 3,34 días**. Este resultado es **superior en un 15, 32 y 46% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo** respectivamente. El **promedio de granjas detectadas por epidemia en la zona de mayor riesgo es de 2,53**, siendo el **periodo más probable de detección entre los días 8 y 9** desde el inicio de la epidemia. **Este periodo se ve disminuido en un 5,6 % y un 9,1% en las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo** respectivamente (Tabla 35).

Promedio de los resultados de la dinámica de la enfermedad del Modelo II (Desv. Estandar)			
Riesgo Modelo I	Media de granjas infectadas	Días de mayor infección	Media (días) duración de la epidemia
Bajo	1,52 (0,98)	1,87 (1,02)	1,80 (1,2)
Medio	1,82 (1,3)	2,15 (1,1)	2,26 (1,6)
Alto	2,33 (1,7)	2,49 (1,3)	2,84 (2)
Muy Alto	2,58 (1,6)	3,09 (1,4)	3,34 (1,9)

Tabla 35. Resultados de la dinámica de una epidemia de IAAP en Cyl obtenidos de su simulación, y separados en función de las diferentes zonas de riesgo categorizadas por el Modelo I. Se muestran los promedios y entre paréntesis la desviación estándar de los mismos.

#### 5.3.B.2. Resultados del análisis de consecuencias en las zonas de riesgo del modelo I.

Los resultados del análisis de consecuencias del Modelo II en las zonas de riesgo identificadas por el Modelo I muestran que el **promedio de granjas "vaciadas" por epidemia en la zona de riesgo Muy alto es de 2,53**. Este resultado es **superior en un 5, 27 y 40% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo** respectivamente. El promedio de animales infectados en la zona de Muy Alto riesgo es de 118.997 animales sacrificados con máximos de 1.819.171 animales y un valor extremo de 11.129.861 que corresponde a una incubadora localizada en Valladolid. En las otras categorías de riesgo se han observado distribuciones más homogéneas. En la zona de Alto riesgo el promedio de animales infectados es de 97.200, un 18% menos que en la categoría de mayor riesgo, y encontramos un porcentaje inferior en un 64% y 75% en las zonas de riesgo "Medio" y "Bajo" respectivamente.

Dado el coste de cada uno de los animales y con una estipulación a groso modo a través de la interpolación en la curva generada a partir de los costes de otros países afectados (**Figura 72**), **los costes totales de la epidemia podrían oscilar entre 12 millones de euros con un máximo de 87 millones de euros en el caso del peor escenario**, que es la zona de riesgo Muy alto definida por el Modelo I. Los siguientes escenarios de riesgo Alto, Medio y Bajo tendrían unos costes totales de la epidemia que oscilan entre un promedio de 11,8 millones de euros y máximos de 29,7; 12,6 y 12,3 millones de euros respectivamente (**Tabla 36**).

Riesgo Modelo I	Promedio de animales infectados	Coste (€)	Maximo número de animales infectados	Coste (€)
Bajo	29.000	11.720.997	300.000	12.309.829
Medio	41.686	11.747.923	453.418,919	12.656.200
Alto	97.903	11.867.985	5.169.302,52	29.699.141
Muy Alto	118.997	11.913.351	11.129.861,7	87.288.248

**Tabla 36. Costes de una epidemia de IAAP en Cyl obtenidos de su simulación, y separados en función de las diferentes zonas de riesgo categorizadas por el Modelo I.**



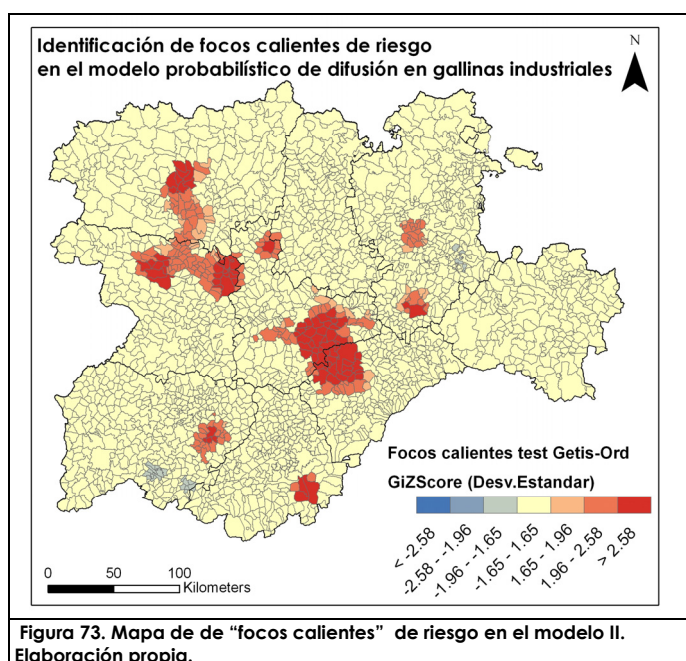
### 5.3.C. Evaluación espacial de los resultados del modelo II

#### 5.3.C.1. Evaluación de la correlación espacial de los resultados mediante la I de Moran:

El resultado del test de Moran muestra que **los datos del tamaño medio de la epidemia (media de granjas infectadas) tienen una alta correlación espacial**, con una alta significación del índice de agrupación ( $I = 2,068$ , Valor de  $Z = 5,49$ ; Valor de  $p = 0,00$ ). Esto significa que la distribución del tamaño medio no es homogénea sino que presenta un patrón de correlación espacial, lo cual se traduce en agrupaciones del mismo.

#### 5.3.C.2. Identificación de los focos calientes (Getis y Ord):

El resultado del test de Getis y Ord ha identificado 88 municipios como "focos caliente" (En rojo en la **Figura 73**). Los valores de mayor riesgo se encuentran en 17 municipios de Segovia, 6 de Valladolid y 5 en Zamora. La distribución de estos focos calientes no es homogénea, presentando una ubicación en la frontera de Valladolid y Segovia, 2 focos en Zamora asociados por valores intermedios al foco de León y un foco en el sur de Ávila (**Figura 73**).



### 5.3.D. Análisis de sensibilidad del modelo II

El análisis de sensibilidad del Modelo II indica que la comparación de los resultados de las epidemias en cada uno de los 8 escenarios modificados (**Tabla 16**) **muestra similitud entre ellos y con el modelo II** (<10% de variación), como podemos ver en la **Figura 74** (dónde se compara el resultado promedio de granjas infectadas) y en la **Tabla 37**, **lo cual ha sido considerado evidencia de robustez del modelo** debido a la falta de sensibilidad de los resultados a variaciones en las variables iniciales (Martínez-López *et al.*, 2009a). En el Anexo V se muestran los diagramas de caja comparados de los diferentes escenarios en los que se pueden apreciar las diferencias mínimas producidas en cada resultado de salida del modelo en función de las variaciones realizadas en cada escenario.

Sin embargo, hay que destacar que en el escenario 4 el promedio de animales sacrificados se reducen un 30%. De la misma manera el escenario 3 de incremento de la difusión local, presenta variaciones, pero siempre en menos de un 20%, en el promedio de granjas infectadas y en los días de mayor difusión de la epidemia, así como en su duración y en el número de granjas detectadas.

PORCENTAJE DE VARIACIÓN (%)	ESCENARIO								
Resultados comparados	0	1	2	3	4	5	6	7	8
Promedio de granjas infectadas	0.00	6.26	-0.89	17.78	-0.46	0.00	-3.00	5.36	-7.12
Días de mayor difusión de la epidemia	0.00	7.15	-0.19	15.10	0.13	0.00	-8.13	4.82	-3.93
Promedio de animales infectados (cabezas)	0.00	0.05	10.10	-3.56	-29.2	0.00	-2.0	-1.50	5.25
Promedio de duración de la epidemia (días)	0.00	3.39	2.04	17.17	-1.13	0.00	-5.8	6.43	-5.20
Promedio de granjas detectadas	0.00	6.98	-3.01	18.91	-2.36	-0.1	-4.6	5.61	-8.80
Periodo de detección	0.00	5.79	3.28	7.71	3.40	4.08	2.34	5.09	2.40
Duración sacrificio (días)	0.00	3.21	2.12	6.71	1.86	2.60	1.00	12.89	1.13

Tabla 37. Porcentaje de variación en cada escenario de cada una de las variables comparadas con el escenario 0.

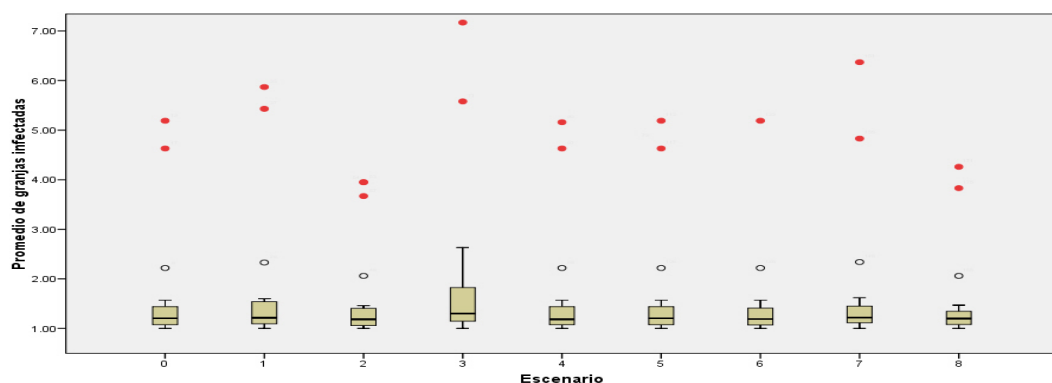
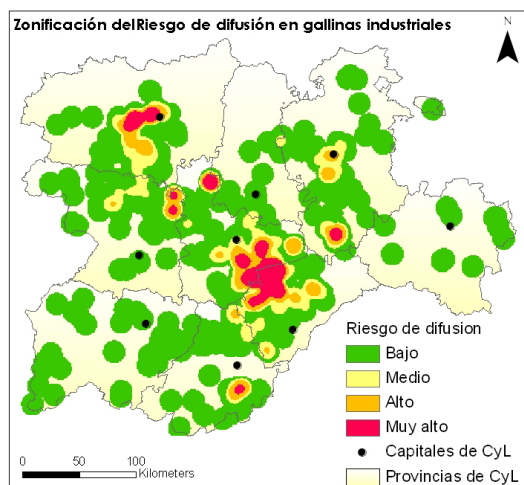


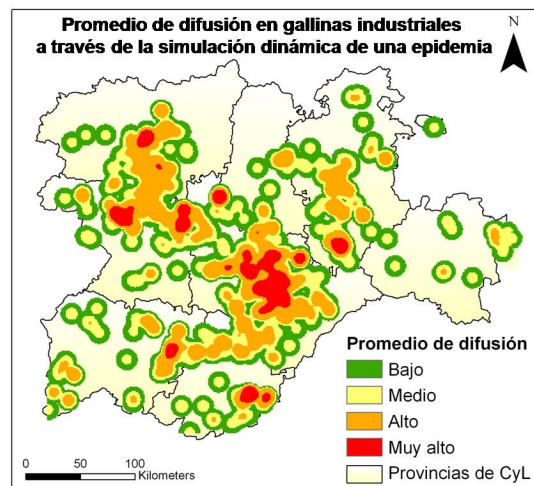
Figura 74. Diagramas de caja comparados de la variable "granjas infectadas" para observar su variación en los 8 escenarios elaborados en el análisis de sensibilidad con respecto al Modelo II (escenario cero). Elaboración propia.

## 5.4. Resultados de la comparación de los modelos I y II elaborados en gallinas industriales

En el estudio de la correlación de los resultados de riesgo de difusión de la IAAP del modelo I (**Figura 75**) y del modelo II (**Figura 76**) por municipio, se obtiene una correlación significativa de 0,825 ( $p=0,0$ ) mediante la Rho de Spearman. Comparando ambas figuras se puede observar ambos modelos identifican zonas similares de Muy Alto Riesgo, pero que el modelo I comprende un mayor número de zonas de Bajo Riesgo y que el Modelo II identifica un mayor número de zonas con riesgos intermedios.



**Figura 75.** Zonificación del riesgo de difusión de la IAAP en gallinas Industriales obtenido en el Modelo I.



**Figura 76.** Distribución del tamaño medio de la epidemia considerado como valor de riesgo de difusión en el Modelo II.

En el siguiente diagrama de matriz de correlaciones (**Figura 77**) se puede observar que ambos modelos presentan una distribución asimétrica con una mayor agrupación en los valores menores. El modelo II presenta unos valores de riesgo medio más numerosos, y la nube de puntos "levanta" antes, sin embargo el modelo I discrimina de mayor manera los valores de alto riesgo, congregando los valores más bajos.

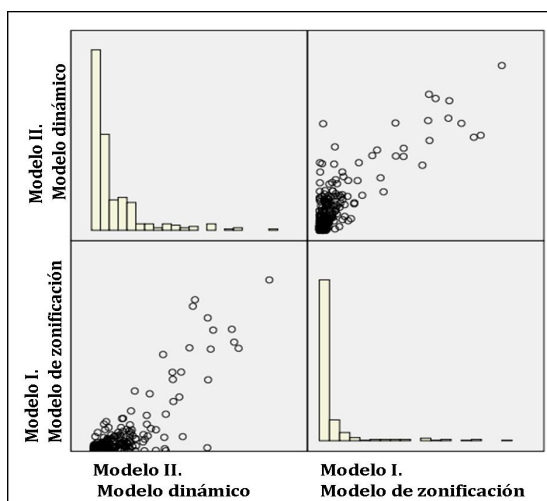


Figura 77. Matriz de correlaciones comparativa del modelo I y II. Elaboración propia con SPSS®.

En la comparación de las explotaciones incluidas en los diferentes rangos elaborados mediante la división en cuartiles de los valores de riesgo de ambos modelos, se identificó una similitud del 75% en la clasificación del rango de riesgo "Muy Alto", y de un 67% de similitud para los valores de riesgo "bajo", de tal manera que ningún municipio de "Muy alto riesgo" y sólo un 1,5% de los de Alto riesgo se identificaron como de "Bajo riesgo" en el modelo comparado. La mayor dispersión se encuentra en las clasificaciones intermedias de riesgo "medio" y "alto" (Tabla 38). El estudio de chi cuadrado sugiere que existe una asociación significativo entre los valores de ambos modelos en los diferentes rangos de difusión ( $p=0,00$ ).

		Modelo I o de zonificación (municipios)				
		Bajo	Medio	Alto	Muy alto	Total
Modelo II o dinámico (municipios)	Bajo	56	24	1	0	81
	Medio	21	31	26	3	81
	Alto	4	20	39	18	81
	Muy alto	0	6	15	62	83
	Total	81	81	81	83	326

Tabla 38. Resultados cruzados de los valores de riesgo por municipio del Modelo I y Modelo II.



## 5.5. Resultados del MODELO III de zonificación de la difusión de la IAAP en explotaciones de ACGA



### 5.5.A. Análisis de cuantificación de los factores de riesgo:

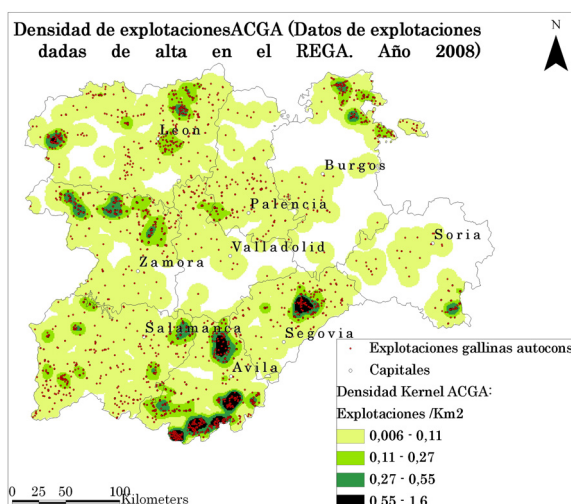
#### 5.5.A.1. Intrínsecos a las explotaciones: Densidad y censo de explotaciones en ACGA.



##### 5.5.A.1.a. Densidad de explotaciones en ACGA

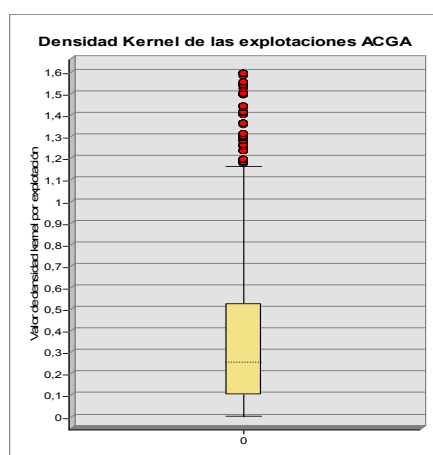
La densidad de las explotaciones de ACGA en CyL presenta unos valores de densidad más homogéneos en comparación con las explotaciones de gallinas industriales. A pesar de ello, se pueden observar dos áreas con mayor densidad de explotaciones: en la zona centro de Segovia, alcanzándose unos valores extremos en un área de 1km<sup>2</sup> que alcanza las 40 explotaciones en su interior, y en el sur de Ávila. Los valores de densidad media en toda CyL son de 0,03 granjas/Km<sup>2</sup>, y en las áreas con explotaciones encontramos una media de 2,45 granjas/km<sup>2</sup>.

Los resultados del estudio de la densidad kernel en las explotaciones de ACGA identificaron los **mayores valores en las provincias de Segovia y Ávila**, 0,62 y 0,24 respectivamente. También se observaron zonas de alta densidad en la zona norte de Zamora, oeste de León y norte de Burgos. Las explotaciones de gallinas de autoconsumo son las que más influyen en este patrón de densidad debido a su elevado número, como se ha descrito en la estadística descriptiva en el apartado 5.1.1. El mapa de densidad Kernel (**Figura 78**) muestra los valores divididos en 4 cuartiles con una coloración descendente de manera proporcional a los valores de densidad. Los resultados numéricos por explotaciones y provincias de dicho análisis pueden consultarse en el Anexo VII: Resultados de los factores de riesgo densidad y censo del Modelo III. Los resultados muestran que las **explotaciones de gallinas, pavos y perdices son las que se encuentran localizadas en las zonas de mayor de densidad**.

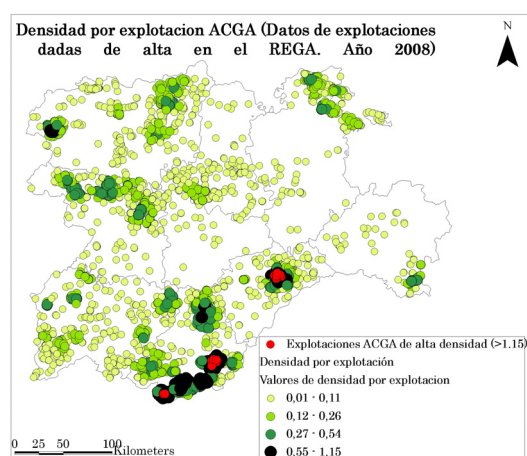


**Figura 78.** Densidad Kernel de las explotaciones de ACGA en CyL en estado de alta en 2008.

En el diagrama de caja (**Figura 79**) se muestra que la densidad de las explotaciones de ACGA sigue una distribución asimétrica positiva (que ajusta a una distribución exponencial), donde las explotaciones situadas en áreas de mayor densidad tienen unos valores mucho más dispersos y las áreas de baja densidad son las que concentran el mayor número de valores. El valor resultante de la densidad Kernel se ha añadido a cada una de las explotaciones representándose (mediante el mismo código cloroplético que en la **Figura 78**) en función de este valor en la **Figura 80**. Los valores extremos (outliers) (en rojo en la **Figura 79** y en la **Figura 80**) comprenden 290 granjas con una densidad kernel superior a 1,5 que se encuentran ubicadas en la provincia de Segovia (164 explotaciones) y de Ávila (126). De las 290 explotaciones, 277 son de gallinas de autoconsumo, y el resto de faisanes (1), palomas (1) patos (3), pavos (5) y perdices (3). El cuartil de mayor valor comprende las granjas de densidad entre 0,55-1,15, que comprende 772 granjas ubicadas en Ávila (699 explotaciones) en 27 municipios) y Segovia (47 explotaciones en 5 municipios), con la salvedad de 26 explotaciones ubicadas en 2 municipios de la provincia de León.



**Figura 79.** Diagrama de caja de la densidad de las explotaciones de ACGA en CyL en 2008



**Figura 80.** Valor por explotación de la densidad kernel de cada zona. Elaboración propia.



### 5.5.A.1.b. Censo de explotaciones en ACGA

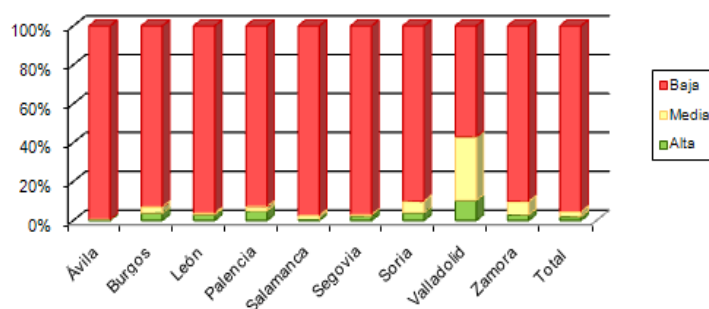
El análisis de la densidad del censo de las explotaciones de ACGA, ha identificado que las provincias con una densidad censal de ACGA superior son, en orden de importancia, **Soria, Palencia y Burgos** (Como se puede observar en la **Figura 49** del apartado 5.1.A.) También se observan zonas puntuales de alta densidad en Segovia, Salamanca, Valladolid y León. Los municipios de densidades superiores ( $>500$  cabezas/ $\text{Km}^2$ ), se encuentran situados en Soria, Burgos, Valladolid, Segovia Salamanca y León. La media de la densidad censal en toda CyL es de 7.4 aves/ $\text{km}^2$  y en áreas donde existen explotaciones la media es de 12.700 aves/ $\text{km}^2$ , con máximos de 203.012 aves/ $\text{km}^2$  en áreas con explotaciones de avicultura complementaria industrial. Los resultados numéricos por provincias y explotaciones de dicho análisis pueden consultarse en la Tabla 56 del **Anexo VII**.

La distribución de los censos de las explotaciones de ACGA es muy homogénea, tanto espacial como numéricamente, en el 95% de las explotaciones que son las que comprenden un censo inferior a 100 cabezas (**Tabla 56**) y esta distribución ajusta a una distribución pearson 5. El 5% restante se localiza en Palencia, Valladolid, Zamora, León, Segovia, en 190 explotaciones, de las cuales el 65% son de palomas y se ubican en Palencia, Valladolid y Zamora, con censos comprendidos entre 100-500 animales. El resto de estas 190 explotaciones de mayor censo lo conforman 43 granjas de perdices, 13 de faisanes, 5 de codornices, 5 de ratites, 3 de patos y 1 de gallinas.

### 5.5. A.2. Intrínsecos a las explotaciones: Bioseguridad asociada al tipo de explotación.



Los resultados de la estimación de los rangos de bioseguridad en las explotaciones de ACGA muestran una distribución provincial en la que destaca Valladolid con un mayor porcentaje de explotaciones estimadas con una bioseguridad alta y media. Ávila destaca con mayor porcentaje de explotaciones estimadas de baja bioseguridad, correspondientes a las explotaciones de gallinas de autoconsumo muy numerosas en esta provincia (**Figura 81**). El gran número de explotaciones categorizadas como de baja bioseguridad corresponde en un 85% a las gallinas de autoconsumo.



**Figura 81. Porcentajes de explotaciones en función de su rango de bioseguridad por provincias. Elaboración propia.**



### 5.5. A.3. Intrínsecos a las explotaciones: Susceptibilidad de cada especie

Los resultados de la susceptibilidad por especie categorizada en 4 niveles (Alta, media, baja y muy baja) muestran que **las explotaciones de alta susceptibilidad son poco numerosas y se localizan en Ávila, León y Salamanca fundamentalmente**, correspondientes a las explotaciones de patos, ocas y codornices. Las provincias de **Palencia, Valladolid y Zamora, presentan un mayor porcentaje de explotaciones con susceptibilidad “Muy baja” correspondientes a las explotaciones de palomas (Figura 82)**. Los amplios porcentajes de susceptibilidad media corresponden a las explotaciones de gallinas de autoconsumo en su mayoría, así como a las de faisanes y perdices. La distribución de la variable susceptibilidad ajusta a una distribución normal (Figura 83)

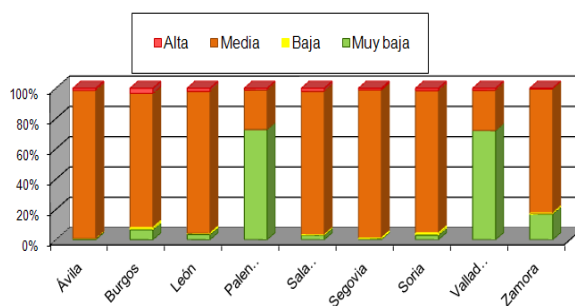


Figura 82. Porcentaje de explotaciones por rango de susceptibilidad y por provincia

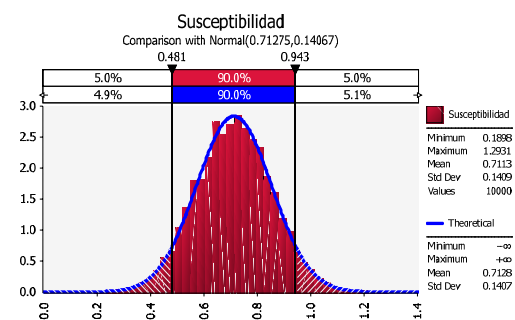


Figura 83. Distribución de la variable “Susceptibilidad”. Elaboración propia mediante el programa @Risk.

#### 5.5. A.4. Extrínsecos a las explotaciones:

##### Proximidad a humedales de riesgo.



#### 5.5. A.4.a. Resultados del estudio de los factores de riesgo de los humedales frente a la IAAP en Europa

**Identificación de humedales positivos:** De los 833 humedales europeos Ramsar analizados, 24 fueron identificados como positivos o casos, y los 809 restantes como negativos o controles. De los 519 brotes de IAAP en aves silvestres notificados en Europa durante el periodo 2006-2009, un total de 270 (el 52%) fueron asociados a humedales Ramsar. En la **Figura 84** se muestran la localización de los humedales positivos/negativos y de los brotes de IAAP.

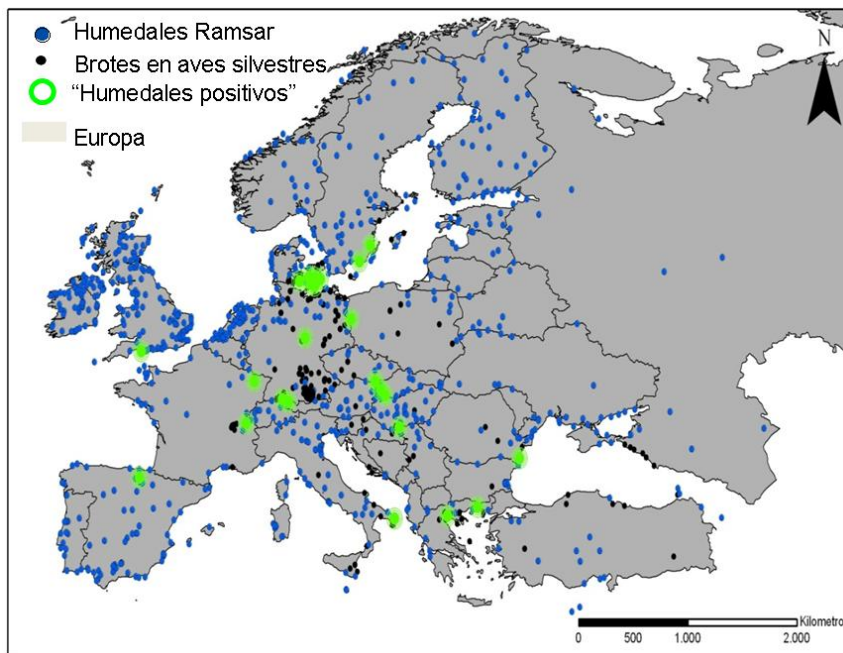


Figura 84. Localización de los 24 humedales Ramsar “positivos” (verde) y “negativos” en azul utilizados en el análisis. Los puntos negros marcan la localización de los brotes de IAAP notificados en aves silvestres por la OIE entre Enero del 2006 y Enero del 2009. Elaboración propia con datos de OIE y Wetlands.org.

**Selección de las variables ambientales:** El análisis logístico bivariado de Chi cuadrado de Pearson realizado mostró que 15 de las 29 variables medioambientales estudiadas mostraban una asociación significativa ( $P < 0.2$ ) con la positividad de los humedales. En la Tabla 39 se muestran las variables y los valores de p así como el número y porcentaje de humedales que presenta esas variables. Estas quince variables fueron introducidas en el análisis de RL junto con la distancia normalizada de cada uno de los humedales y la distancia más cercana a los brotes notificados en aves domésticas.

Variable	Valor de p	Categoría	Numero y porcentaje de humedales que incluyen cada una de las variables					
			Total		Positivo		Negativo	
			N	%	N	%	N	%
Área forestal	<0,001	Presencia(1)	143	17.17	13	54.16	13	16.06
Distancia al humedal positivo más cercano	<0,001	Presencia(1)						
Agricultura	<0,001	Presencia(1)	317	38.06	17	70.83	30	37.08
Área de importancia para aves acuáticas	0,003	Presencia(1)	380	52.34	18	75	36	44.69
Acuicultura	0,318	Presencia(1)	73	8.76	5	20.33	68	8.40
Suelo mineral	0,043	Presencia(1)	572	68.66	21	87.5	55	68.10
Suelo orgánico	0,045	Presencia(1)	300	36.01	4	16.66	14	18.17
Zona de estancia para aves invernantes	0,065	Presencia(1)	436	52.34	17	70.83	41	51.79
Humedal navegable	0,067	Presencia(1)	106	12.73	6	25	10	12.48
Zona de reproducción de aves	0,092	Presencia(1)	523	62.79	19	79.16	50	62.29
Agua mixosalina	0,100	Presencia(1)	255	30.61	11	45.83	24	30.16
Agua dulce	0,114	Presencia(1)	612	73.47	21	87.5	59	73.05
Pastos	0,129	Presencia(1)	233	27.97	10	41.66	22	27.56
Áreas de recreación	0,129	Presencia(1)	577	69.27	20	83.33	55	68.85
Aves invernantes no reproductoras en épocas secas	0,137	Presencia(1)	431	51.74	16	66.66	41	51.29

Tabla 39. Resultado del análisis bivariado del (test X2 de Pearson) para un valor de  $p < 0.2$ , con el objetivo de estimar la asociación entre las características medioambientales de los humedales Ramsar europeos y la positividad a la IAAP de los humedales.

**Modelo de regresión logística:** El modelo de RL que dio un mejor ajuste, incluía las variables área forestal (OR = 6,9), la combinación de las variables mixosalinidad del agua y zona de importancia para aves acuáticas re combinadas en una sola categoría. (OR = 6,316) y la distancia al humedal positivo más cercano (OR= 0,669) (Tabla 40).

Factores medioambientales	Valor de p	B	S.E.	ORs	I.C. 95.0%	
					Inferior	Superior
Área forestal	<0,001	1,93	0,49	6,90	2,61	18,19
Agua mixosalina y Área de importancia para aves acuáticas	<0,001	1,84	0,50	6,32	2,34	17,04
Distancia al humedal positivo más cercano	<0,001	-0,40	0,12	0,67	0,52	0,84
Constante	<0,001	-3,43	0,52	0,03		

Tabla 40. Resultado del modelo de RL que muestra la asociación entre los humedales positivos a IAAP y los factores medioambientales de los humedales Ramsar europeos. Siendo los coeficientes de regresión (B), el error estándar (S.E.), los Odds ratio (ORs) y el 95% del intervalo de confianza (I.C. 95.0%) lo que se muestra en la tabla.

El estadístico de Hosmer-Lemeshow mostró que el ajuste del modelo resultaba ser adecuado ( $p=0,67$ ).

Los residuos del resultado del modelo que mejor ajustaba a los datos, mostraron independencia espacial mediante el análisis del índice de Morán ( $I=-0,002$ , valor de p

=0,876), demostrándose que las variables obtenidas no están afectadas por la situación espacial de los brotes.

**Estudio de controles pareados:** El estudio de controles pareados mostró unos resultados similares, con una superposición de los valores de los intervalos de confianza de los coeficientes de regresión de cada una de las variables incluidas en ambos modelos, demostrando la robustez del modelo (**Tabla 41**). La variable "distancia al humedal positivo más cercano" quedó excluida, ya que el análisis se estaba realizando sólo en los 3 humedales más cercanos a cada caso. Este modelo será el aplicado en los humedales de CyL, ya que en la adaptación del modelo a un área diferente (CyL en vez de Europa) la variable "distancia al humedal positivo más cercano" podría modificar la direccionalidad de los valores del modelo.

Factores medioambientales	Valor de p	B	S.E.	ORs	I.C. 95.0%	
					Inferior	Superior
Área forestal	<0,009	1,62	0,63	5,09	1,47	17,51
Agua mixosalina y Área de importancia para aves acuáticas	<0,001	2,19	0,68	8,96	2,31	34,64
Constante	<0,001	-2,19	0,53	0,11		

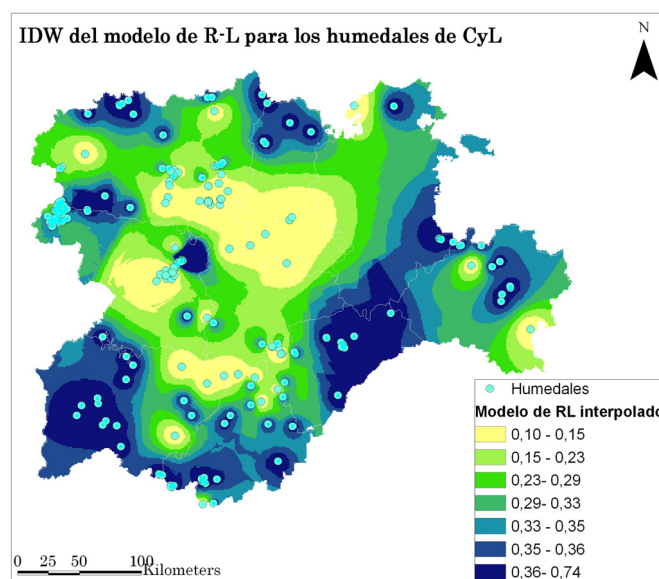
Tabla 41. Resultado del modelo de RL del estudio de controles pareados. Siendo los coeficientes de regresión (B), el error estándar (S.E.), los Odds ratio (ORs) y el 95% del intervalo de confianza (I.C. 95.0%) lo que se muestra en la tabla.

En el Anexo II se incluye la publicación relacionada con dicho trabajo con un mayor detalle de los resultados (Publicación 4).

#### 5.5.A.4.b. Aplicación del modelo en CyL

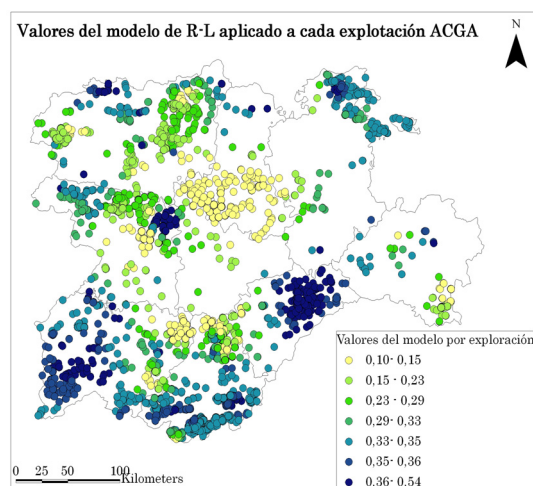
Los resultados interpolados de la aplicación del modelo de RL resultante del estudio de controles pareados en CyL muestran los máximos valores en la localización de humedales de riesgo en Zamora, en el complejo de las lagunas de Villafáfila, donde se encuentran los 6 humedales de mayor valor de riesgo. Los promedios a nivel provincial tienen los valores más altos en Segovia (0,34), y Ávila (0,32). En el mapa de la interpolación de los resultados (**Figura 85**) se muestran los valores en 7 cuantiles de riesgo para poder visualizar las áreas de proyección del riesgo de una manera más estratificada.





**Figura 85.** Interpolación mediante la técnica IDW del valor de riesgo obtenido en cada humedal, dividido en 7 cuantiles representados cromáticamente. Elaboración propia.

El valor del riesgo en función de la cercanía a humedales asignado a cada explotación muestra los valores máximos en 54 explotaciones de Zamora cercanas al Complejo de las lagunas de Villafáfila. Son 24 explotaciones de gallinas de autoconsumo, 31 de palomas y 1 de ocas. El valor máximo por explotación es de 0,54 y el mínimo 0,1 con un promedio de 0,28 y una mediana de 0,34. Los valores por explotación se han representado (**Figura 86 y Figura 87**) utilizando las mismas 7 categorías y cromatografía que en el mapa raster del modelo (**Figura 85**) para una mejor identificación de los valores.

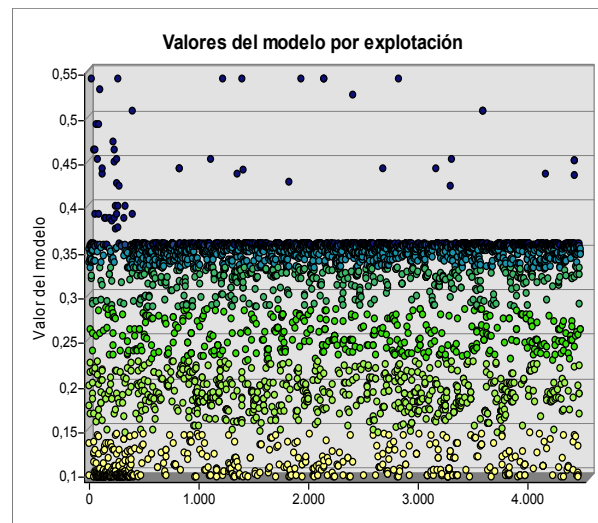


**Figura 86.** Mapa de las explotaciones de ACGA con el valor asociado a su cercanía a humedales de riesgo. Se han representado los valores utilizando la misma escala cromática representativa de la división en 7 cuantiles de los valores de riesgo de los humedales. Elaboración propia.

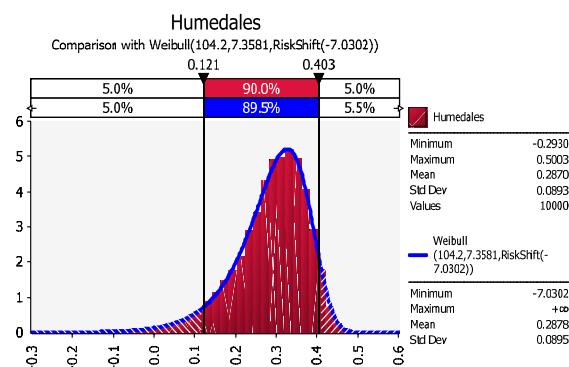
En la **Figura 86** se aprecia la distribución provincial de las explotaciones de ACGA en función de su riesgo, observándose los valores superiores de Zamora, Segovia centro y oeste de Salamanca. El gráfico scatter plot en la **Figura 87** identifica la distribución de los valores, mostrándose una homogeneidad en los diferentes rangos de riesgo y la clara diferenciación de las explotaciones con valores de riesgo superiores a 0,35 que no llegan al 1% del total. La



distribución de los valores de esta variable en las explotaciones ajusta a una distribución Weibull (**Figura 88**).



**Figura 87.** Representación mediante Scatter plot de las diferentes explotaciones en función de su valor de riesgo, utilizando la misma escala cromática representativa de la división en 7 cuantiles de los valores de riesgo de los humedales utilizadas en las Figuras 85 y 86. Elaboración propia.



**Figura 88.** Distribución de la variable "Cercanía a humedales". Elaboración propia mediante el programa informático @Risk.

#### 5.5.A.4.c. Resultados de la validación de la adaptación del modelo a España: Brote de H7N7 en Almoguera

La aplicación del modelo de RL de humedales de riesgo en el embalse de Almoguera mostró que presentaba un **valor de riesgo=0,83**, concluyéndose que **el modelo identifica el embalse de Almoguera como de alto riesgo de difusión**. A continuación se muestran los resultados del estudio previo de las características ambientales del embalse de Almoguera para la aplicación del modelo, en el cual se identificó la presencia de las tres variables de riesgo:

**Variable "Zona forestal":** Se identificó la presencia de Zona forestal en el radio de 0,5 km alrededor del embalse. (**Figura 89**).

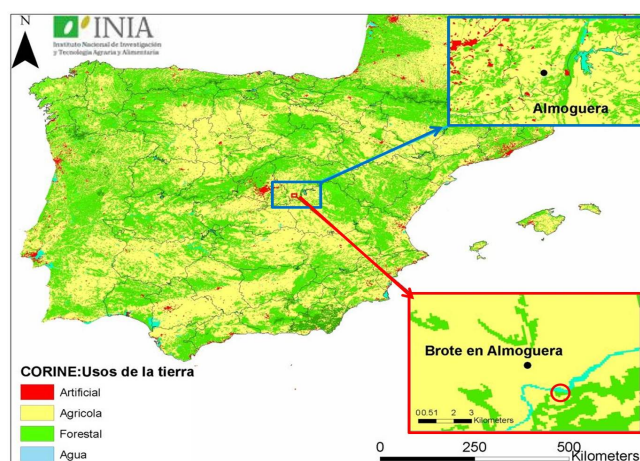


Figura 89. Mapa de usos de la tierra de España, con la ampliación del municipio de Almoguera (Cuadrante azul) y un detalle mayor de la zona del embalse y del propio embalse (recuadro y círculo rojo respectivamente) para poder apreciar el uso de la tierra en los alrededores del mismo. Elaboración propia.

**Variable “Área de importancia para aves silvestres acuáticas”:** El embalse de Almoguera ha sido considerado como *Area de importancia para aves silvestres acuáticas* en base a su categoría de zona ZEPA y LIC y en base a los resultados de los censos anuales de la SEO cuyas especies censadas (Tabla 42) pertenecen a las especies consideradas de riesgo por la EFSA y por el estudio aplicado en España por Martínez *et al.* (2009) y que presentan una importancia en número.

Nombre latín	Nombre castellano	Promedio de los censos 99-07
<i>Circus aeruginosus</i>	Aguilucho Lagunero	13,45
<i>Anas platyrhynchos</i>	Anade Azulón	302,06
<i>Anas strepera</i>	Anade Friso	9,67
<i>Vanellus vanellus</i>	Avefría	32,00
<i>Porphyrio porphyrio</i>	Calamón Común	2,50
<i>Anas crecca</i>	Cerceta Común	11,00
<i>Anas acuta</i>	Anade Rabudo	14,00
<i>Phalacrocorax carbo</i>	Cormorán Grande	6,85
<i>Anas clypeata</i>	Cuchara Común	4,62
<i>Fulica atra</i>	Focha Común	427,12
<i>Ardea cinerea</i>	Garza Real	7,80
<i>Larus ridibundus</i>	Gaviota Reidora	5,00
<i>Netta rufina</i>	Pato Colorado	4,38
<i>Gallinula chloropus</i>	Polla de Agua	24,87
<i>Aythya ferina</i>	Porrón Europeo	130,25
<i>Aythya fuligula</i>	Porrón Moñudo	28,83
<i>Anas penelope</i>	Silbón Europeo	2,00
<i>Aythya nyroca</i>	Porrón Pardo	3,33
<i>Rallus aquaticus</i>	Rascón	5,50
<i>Podiceps cristatus</i>	Somormujo Lavanco	21,47
<i>Tachybaptus ruficollis</i>	Zampullín Común	54,15
<i>Podiceps nigricollis</i>	Zampullín Cuellinegro	18,50

Tabla 42. Especies de aves silvestres censadas en el embalse de Almoguera. El valor del censo comprende el promedio de los censos realizados por la SEO en el periodo 1999-2007. Elaboración a partir de datos SEO.

**Variable “Mixosalinidad”:** Los datos de salinidad del embalse de Almoguera (proporcionados por la Cuenca Hidrográfica del Tajo) muestran que a pesar de que existen variaciones de la conductividad a lo largo del año, la conductividad media es de 854,96  $\mu\text{S}/\text{cm}$ , equiparable a una salinidad de 0,6‰, por lo tanto sería catalogado como mixosalino. Los datos recogidos en los últimos 5 años se muestran en la **Tabla 43**.

Conductividad ( $\mu\text{S}/\text{cm}$ ) Embalse de Almoguera	Enero	Abril	Mayo	Junio	Octubre	Noviembre
2009	777	866		689	726	
2008	683	898		739	792	
2007	766	772	847	777	779	797
2006	1058	994	881	870	879	922
2005	898	1031	874	964	1049	901

**Tabla 43.** Datos de conductividad del embalse de Almoguera recogidos por la Confederación Hidrográfica del Tajo (CHT, 2009).

Los resultados del muestreo en el embalse de Almoguera (realizado en el primer semestre del 2010) muestran que los valores recogidos están comprendidas dentro del rango de la categoría de mixosalinidad establecido por los humedales Ramsar (Escala Salinidad Práctica PSU, métodos normalizados APHA-AWWA-WPCF. Resultados referidos a la temperatura de referencia 25 °C) (**Tabla 44**).

Identificación de la muestra.	Temperatura (°C)	Conductividad mS/cm	Salinidad g/L	Profundidad de la muestra
1	15,95	1,108	0,689	Superficie
2	15,8	1,128	0,703	Superficie
3	15,7	1,126	0,701	Superficie
4	15,4	1,121	0,698	3 metros
4	15,1	1,118	0,697	Superficie
5	14,8	1,12	0,698	6 metros
5	14,9	1,13	0,705	Superficie
6	15,3	1,142	0,712	Superficie

**Tabla 44.** Datos de conductividad del agua resultantes del muestreo realizado en Abril del 2010 en el embalse de Almoguera. Los puntos de localización de cada una de las muestras recogidas de agua se pueden observar en la Figura 41 del apartado 4.6.A.4.3 de Material y métodos.



#### 5.5.A.5. Extrínsecos a las explotaciones: Factores climáticos: Temperatura.

##### 5.5.A.5.a. Curva de Supervivencia del virus

En el estudio de la curva de supervivencia del virus, generada a partir de los datos de temperatura medias mensuales y los días de supervivencia, se ha obtenido una curva que ajusta a una función logarítmica negativa ( $y = -7,82\ln(x) + 29,94$ ), con factores de correlación del orden de 0,97 (**Figura 90**).

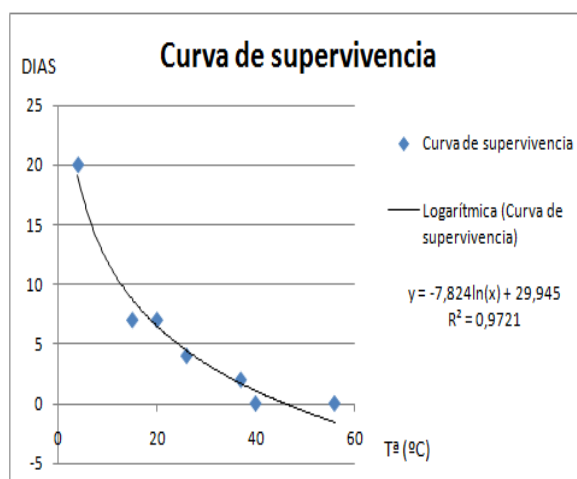


Figura 90. Ajuste de una curva logarítmica negativa a los días de supervivencia del virus H5N1 AP a diferentes Tª del medio. Elaboración propia.

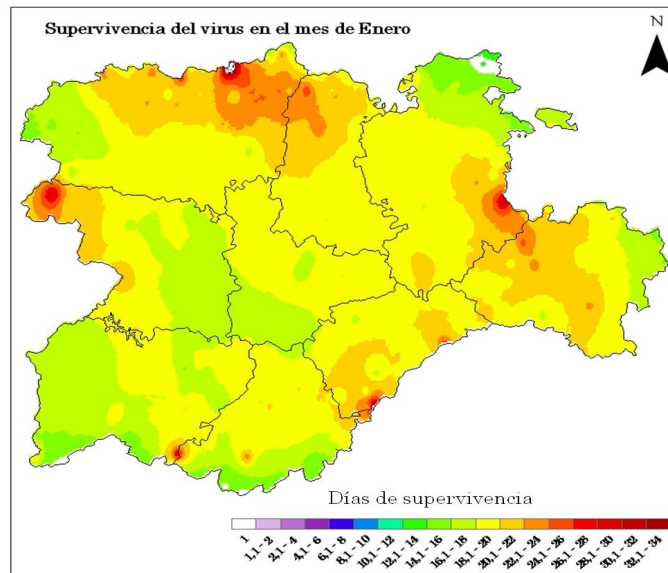
#### 5.5.A.5.b. Supervivencia del virus en función de la temperatura

La función obtenida fue aplicada a cada uno de los valores de celda de temperatura en CyL en cada capa mensual, obteniéndose la supervivencia del virus e función de la temperatura para cada mes y localización. Los resultados para la supervivencia del virus (Tabla 45) muestran unos valores **máximos de días de supervivencia localizados en la provincia de León en el mes de Enero** y los valores de supervivencia mínima se localizan en Ávila y Zamora en Julio. La media de la distribución de los valores, tiene valores máximos en los meses de Enero y Febrero en León Palencia y Soria, y unos valores mínimos en Julio y en Agosto en Salamanca y Valladolid. Las oscilaciones máximas se han localizado en León en Enero, y los valores más homogéneos se identificaron en Junio, Agosto y Septiembre en Valladolid. La distribución de los valores de supervivencia aplicados a las explotaciones ajustan a una distribución Weibull.

	Enero	Febrero	Marzo	Abril	Mayo	Junio	Julio	Agosto	Septiem.	Octubre	Noviembre	Diciembre
Ávila	(14,1-28,6) (19,2; 1,5)	(12,9-30,6) (18,3; 2)	(10,8-25,9) (14,2; 1,3)	(9,1-21,7) (12,2; 1,1)	(7,3-14,9) (9,5; 0,8)	(5,2-10,4) (6,7; 0,5)	(4,4-8,4) (5,9; 0,5)	(4,4-8,1) (6; 0,4)	(5,4-10) (7,3; 0,5)	(7,9-13,1) (10; 0,6)	(11,3-22,3) (14,7; 1)	(14,1-29,7) (19,1; 1,3)
Burgos	(13,4-31,3) (19,7; 2)	(1,0-7,9) (4,1; 0,9)	(11,1-18,9) (14,1; 1)	(10,2-15,5) (12,4; 0,7)	(8,5-12,3) (10; 0,5)	(6,4-8,6) (7,1; 0,3)	(5,9-8) (6,7; 0,3)	(6-8,1) (6,8; 0,3)	(7,2-9,9) (8,2; 0,4)	(8,4-12,7) (10,2; 0,5)	(11,5-19,3) (14,9; 1)	(13,8-32,6) (20; 2)
León	(16,4-51,3) (20,8; 2,3)	(0,7-6,6) (4,1; 0,8)	(11,4-22) (14,7; 1,2)	(10-19,3) (12,7; 1,1)	(8,3-14,9) (10,3; 0,9)	(6,2-10,4) (7,5; 0,6)	(5,9-10,1) (7,1; 0,6)	(5,8-9,9) (7,2; 0,5)	(6,71-1,4) (8,5; 0,6)	(9,3-14,5) (11; 0,7)	(13,1-22,7) (15,5; 0,9)	(16,9-49,5) (20,8; 1,9)
Palen.	(18,7-26,8) (20,8; 1,2)	(1,6-4,8) (3,8; 0,5)	(13,1-18,1) (14,5; 1)	(11,5-14,8) (12,5; 0,6)	(9,2-11,5) (9,9; 0,6)	(6,3-8,4) (7,19; 0,5)	(5,7-8) (6,6; 0,5)	(6,1-8,7) (6,9; 0,5)	(7,5-9,6) (8,2; 0,5)	(9,6-12,6) (10,6; 0,6)	(14,4-17,4) (15,3; 0,5)	(18,5-24,6) (20,4; 0,8)
Salam	(14,4-29,4) (18,6; 1,1)	(2,2-8,2) (5,2; 0,7)	(11,2-26,3) (13,4; 0,9)	(9,7-22,1) (11,8; 0,8)	(7,6-15,1) (9,3; 0,5)	(5,4-10,6) (6,6; 0,3)	(4,7-8,4) (6; 0,3)	(4,7-8,4) (6; 0,2)	(5,7-10,1) (7,4; 0,3)	(8,4-11,5) (9,9; 0,34)	(11,7-22,9) (14,4; 0,7)	(14,2-31,1) (18,6; 1)
Segov	(18,3-38,3) (20,6; 1,2)	(1,1-5,2) (4,0; 0,3)	(12,6-24,2) (14,7; 1,3)	(10,9-20,9) (12,6; 0,9)	(8,6-14,8) (9,8; 0,7)	(6-10,4) (6,8; 0,5)	(5,4-8,4) (6,1; 0,3)	(5,7-8,1) (6,5; 0,2)	(7-10,3) (7,8; 0,3)	(9,5-15,2) (10,5; 0,6)	(14,3-26,1) (15,8; 0,9)	(18,2-37,5) (20,9; 1,3)
Soria	(16,6-25,7) (20,6; 1,4)	(1,9-6,1) (3,7; 0,7)	(12-17,9) (14,6; 0,9)	(10,5-15) (12,5; 0,6)	(8,6-11,8) (10; 0,5)	(6-8,4) (7; 0,4)	(5,4-8,06) (6,5; 0,4)	(5,8-9,5) (6,8; 0,3)	(7,2-10,2) (8,3; 0,3)	(8,8-13,7) (10,6; 0,6)	(12,9-18,5) (15,3; 0,8)	(17,1-28) (21,1; 1,4)
Vallad.	(17,7-20,7) (19,2; 0,4)	(4,1-5,9) (4,7; 0,3)	(12-14,2) (13,3; 0,3)	(10,3-13,6) (11,7; 0,4)	(8,2-10,2) (9,1; 0,3)	(5,8-8) (6,5; 0,2)	(5,3-9,3) (6; 0,3)	(5,5-7,2) (6,2; 0,2)	(6,7-8,3) (7,5; 0,2)	(9,2-11,5) (10; 0,2)	(13,6-17,1) (14,8; 0,3)	(17,8-24,1) (19,7; 0,5)
Zam.	(17,6-32,2) (19,8; 1,7)	(1,1-5,5) (4,3; 0,7)	(12,3-22,1) (14,1; 1,4)	(10,7-19,7) (12,5; 1,4)	(8,4-22) (9,7; 1,4)	(5,7-9,5) (6,7; 0,6)	(5,4-20) (6,6; 1,2)	(5,7-10,7) (6,6; 0,6)	(7-21) (8,9; 2,1)	(9,3-14,2) (10,5; 0,7)	(13,7-19,8) (15; 0,7)	(13,5-29,5) (19,5; 1,4)

Tabla 45. Estadística descriptiva de los datos de supervivencia del virus por provincia, en la que se muestran los valores: (mínimo-máximo) y (media; desviación estándar) respectivamente y en ese orden. Elaborados mediante la herramienta Zonal statistics del software Arc Gis 9.3.

Se muestra como ejemplo en un mapa los resultados de supervivencia en el mes de Enero (**Figura 91**). Los mapas de los resultados obtenidos para el resto de los meses pueden consultarse en la **Figura 108** del **Anexo VIII**.

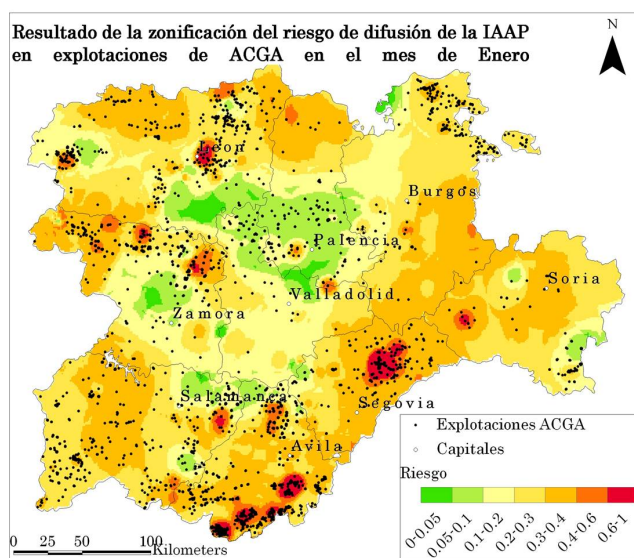


**Figura 91.** Resultados del análisis de supervivencia (en días) del virus en el mes de Enero en función de las temperaturas medias mensuales. Elaboración propia.

## 5.5.B. Resultados de la Unificación de capas y zonificación del riesgo

### 5.5.B.1. Zonificación del riesgo

Los resultados obtenidos de la unificación de todos los riesgos intrínsecos (REI) y medioambientales (RFMA), para la identificación de las zonas de mayor riesgo mensual (RT<sub>im</sub>) de difusión de la IAAP en explotaciones de ACGA muestran que **las áreas que presentan un mayor riesgo y de una manera más constante, se encuentran ubicadas en: el sur de Ávila, centro de Segovia, centro este de León** coincidente con la capital. También se localizan diversas áreas menos extensas en el oeste de Soria, noreste de Zamora y noreste de Salamanca. En la **Figura 92** se muestra la zonificación del riesgo de difusión por mes (RT<sub>im</sub>) del mes de Enero, los mapas del resto de los meses pueden consultarse en el **Anexo IX**. **Los meses que presentan los valores máximos de riesgo son Diciembre, Enero y Febrero y los valores mínimo los presentan Julio y Agosto**(Tabla 46).



**Figura 92. Riesgo total de difusión de la IAAP en explotaciones de ACGA del mes de Enero dividido en 7 cuartiles de riesgo. Elaboración propia.**

Los valores máximos de riesgo de difusión se ubican en explotaciones de Segovia y Ávila en los meses de Diciembre, Enero y Febrero. El promedio de la distribución de los valores de riesgo, tiene los valores máximos en los meses de Enero y Diciembre en Segovia. Las variaciones más significativas entre explotaciones dentro de una provincia se encuentran en Segovia y Ávila en Abril, así como los valores más homogéneos se identificaron en Junio, Julio, Agosto y Octubre en Burgos (Los resultados numéricos totales se muestran en el **Anexo IX**).

Meses	Valores del riesgo de difusión de la IAAP en ACGA por meses ( $RT_{im}$ )				
	Mín.	Máx.	Suma	Media	Desv. estándar
Enero	0.033	0.974	23163	0.256	0.116
Febrero	0.033	0.974	23163	0.256	0.116
Marzo	0.026	0.895	18412	0.203	0.099
Abril	0.023	0.868	16840	0.186	0.093
Mayo	0.020	0.842	14590	0.161	0.086
Junio	0.016	0.789	12317	0.136	0.080
Julio	0.013	0.789	11924	0.132	0.079
Agosto	0.013	0.789	11924	0.132	0.079
Septiembre	0.016	0.855	12829	0.142	0.088
Octubre	0.013	0.789	11924	0.132	0.079
Noviembre	0.020	0.842	15189	0.168	0.087
Diciembre	0.033	1.000	23269	0.257	0.116

Tabla 46. Resultado por meses del Modelo III de riesgo de difusión de la IAAP en explotaciones de ACGC.

### 5.5.B.2. Riesgo por explotación anual

Los resultados del riesgo anual medio por explotación ( $RT_i$ ) identifican las explotaciones de mayor riesgo medio anual en el sur de Ávila, centro de Segovia, centro este de León coincidente con la capital, y diversas áreas menos extensas en el oeste de Soria, noreste de Zamora y noreste de Salamanca (**Figura 93**), como se había descrito anteriormente en la identificación del riesgo de difusión por zonas y mensual.

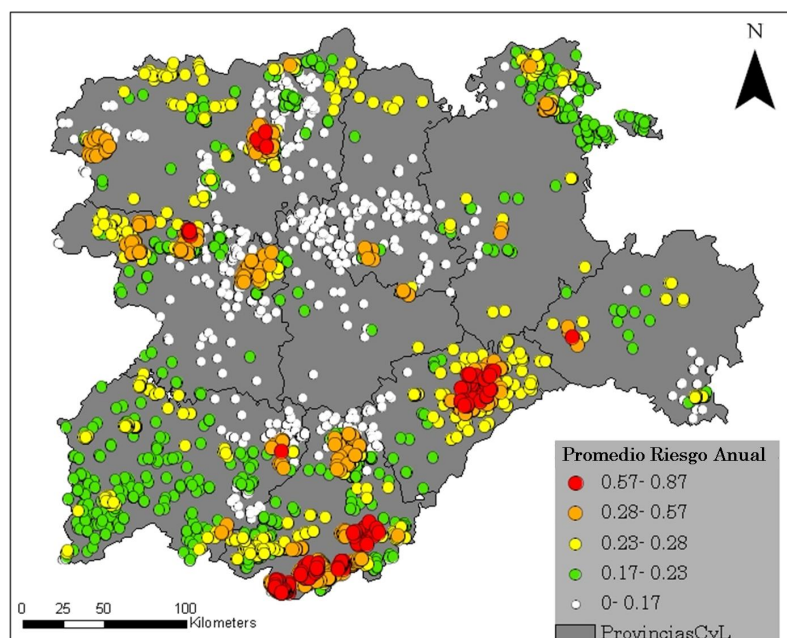


Figura 93. Representación del promedio anual del riesgo de difusión de la IAAP en explotaciones de ACGA, clasificando el riesgo en 5 quantiles, con una simbología cromática y de tamaño gradual proporcional al valor de riesgo. Elaboración propia.





### 5.5.C. Análisis espaciotemporal de los resultados de zonificación del riesgo

Los resultados del estudio espaciotemporal realizado, han identificado 6 clusters espacio temporales significativos (valor de  $p \leq 0.05$ ) (**Tabla 47 y Figura 94**), situados en Ávila, León, Segovia y Zamora. Incluyen 59 municipios, con un número de municipios por cluster que oscila entre 1-35, siendo el cluster 2 (zona sur de Ávila), el que más municipios comprende. Los radios oscilan entre 4,87-37,51Km con un promedio de 12,30 Km y comprenden una superficie entre 74 y 4.421 Km<sup>2</sup> con un promedio de 893 Km<sup>2</sup>. La temporalidad de las agrupaciones identifica los meses de Diciembre y Enero como los de más riesgo (4 y 2 clusters respectivamente). La media del riesgo en el interior de los clusters es de 0,64 y el máximo valor se localiza en el cluster 1 con un riesgo medio de 0.95 siendo superior al resto de los clusters significativos en un 30-46%.

Nº cluster	Radio (km)	Superficie (Km <sup>2</sup> )	Periodo	Nº granjas	Valor de p	Riesgo medio En el cluster	Riesgo medio fuera del cluster	Varianza	Desviación estándar
1	12.14	463	diciembre	269	0.001	0.945	0.336	0.050	0.225
2	37.51	4.421 (2.343 de CyL)	diciembre	842	0.001	0.665	0.334	0.051	0.225
3	4.87	74	enero	44	0.001	0.626	0.339	0.052	0.229
4	5.08	81	diciembre	64	0.004	0.522	0.339	0.052	0.229
5	7.78	190	enero	24	0.010	0.598	0.339	0.052	0.229
6	6.42	129	diciembre	66	0.021	0.501	0.339	0.052	0.229

Tabla 47. Agrupaciones significativas de movimientos de salida de explotaciones de aves vivas en CyL (2008-2009) identificados mediante el modelo normal de Kulldorf. Se indica el riesgo medio observado dentro y fuera de cada agrupación (cluster). Elaboración propia.

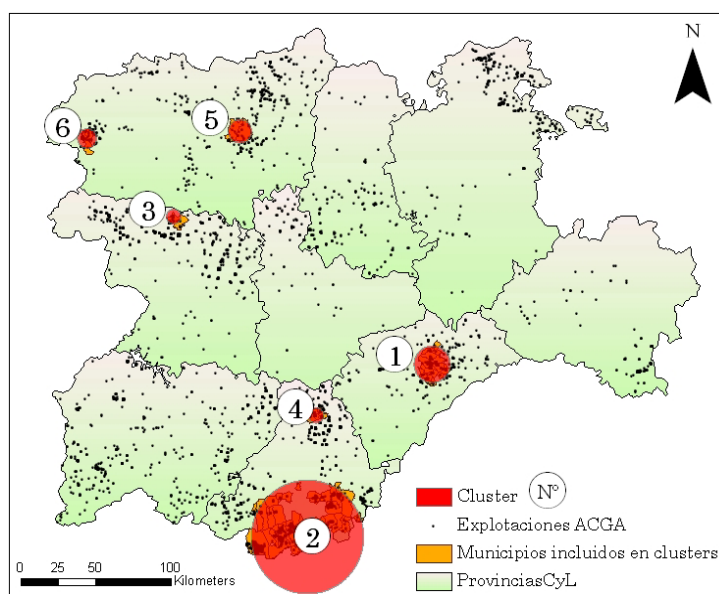


Figura 94. Representación de las superficies reales de las 6 agrupaciones significativas de riesgo redifusión de la IAAP en explotaciones de ACGA identificadas mediante el análisis normal espaciotemporal de Kulldorf. Elaboración propia



El número de granjas incluidas en cada cluster oscila entre 24 y 842, estando situadas el 64% de ellas en el cluster nº 2 situado en Ávila. Las explotaciones localizadas en el interior de los clusters son explotaciones de autoconsumo en un 94%, siendo la gallina la especie mayoritaria en todos ellos en más de un 92% (**Tabla 48**).

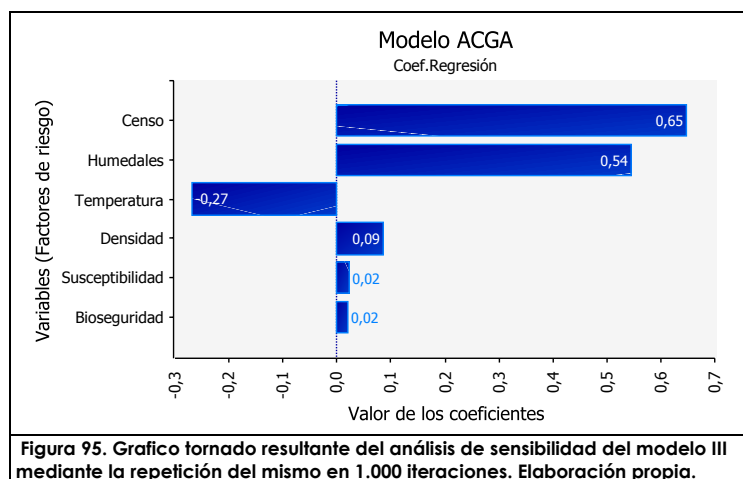
Los clusters más significativos (1 y 2) presentan una mayor diversidad de especies. Los cluster 5 y 1 comprenden los mayores censos con más de 33.000 cabezas. Los clusters 2 y 4 están formados por pequeñas explotaciones cuyo promedio de censo está alrededor de 11-12 cabezas (**Tabla 48**).

Nº explotaciones (% dentro del cluster)		Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4	Cluster 5	Cluster 6
Especies	Patos	3 (1.11)	6 (0.68)				
	Pavos	5 (1.85)	6 (0.68)				
	Gallinas	257 (95.18)	848 (96.58)	42 (97.67)	63 (100)	83 (92.22)	62 (92.53)
	Ocas	1 (0.37)	5 (0.56)				
	Faisanes	1 (0.37)	5 (0.56)			1 (1.11)	
	Perdices	3 (1.11)	4 (0.45)	1 (2.32)		2 (2.22)	3 (4.47)
	Palomas		4 (0.45)			2 (2.22)	1 (1.49)
	Avestruces		1 (0.11)			1 (1.11)	1 (1.49)
	Codornices					1 (1.11)	()
Sistema de producción	Interior	255 (94.444)	279 (31.77)	1 (2.32)	56 (88.88)	65 (72.22)	15 (22.38)
	Mixto	16 (5.92)	390 (44.42)	12 (27.9)	9 (14.28)	23 (25.55)	51 (76.116)
	Exterior		208 (23.69)	31 (72.09)		1 (1.11)	1 (1.49)
	Suma	33.675	10.958	5.304	716	35.455	4.939
Censo granja	Promedio	125	12	123	11	394	74

**Tabla 48. Resultados del análisis espaciotemporal de riesgo de difusión de IAAP en explotaciones de ACGA. En las columnas se identifican las agrupaciones identificadas y en las filas las características de las explotaciones que comprenden en su interior.**

### 5.5.D. Análisis de sensibilidad del modelo III

Los resultados del análisis de sensibilidad mediante el método Monte Carlo, muestran que **las variables más influyentes en el modelo III son el “censo” y la “proximidad a un humedal de riesgo”** con unos coeficientes de regresión de 0,65 y 0,54 respectivamente. La “temperatura” muestra un valor negativo (- 0,27) debido a que interactúa en el modelo como susceptibilidad del virus que es inversa a la temperatura. La “densidad” presenta un coeficiente de 0,09. Las variables de menor influencia son las “Susceptibilidad” y “bioseguridad”. Los diferentes coeficientes de regresión de los parámetros en el modelo se muestran a continuación en el *gráfico tornado* (Figura 95).





## DISCUSIÓN

---



## 6. DISCUSIÓN

La vigilancia epidemiológica basada en la evaluación del riesgo de entrada y difusión, se orienta a las zonas o poblaciones que presentan una mayor probabilidad de ocurrencia de la enfermedad. Este es un concepto relativamente reciente, que fue desarrollado originalmente en referencia a los programas de vigilancia de encefalitis espongiforme bovina (BSE) (Doherr *et al.*, 2001) y que ha adquirido recientemente una notable importancia. La amplia distribución de enfermedades como la IAAP y la enfermedad de Newcastle a lo largo de los últimos años, no ha hecho más que resaltar dicha importancia en enfermedades aviares. La vigilancia epidemiológica de IAAP basada en la evaluación del riesgo es la recomendada por la OIE en el Código Sanitario para los Animales Terrestres (OIE, 2007).

La IAAP es una de las enfermedades víricas más relevantes de cuantas afectan a las especies aviares domésticas y silvestres, debido a su alto poder de contagio, alta tasa de mortalidad, y a las enormes pérdidas económicas directas e indirectas que ocasiona en los países afectados. Su expansión representa una importante amenaza para el sector avícola a nivel mundial (Webster *et al.*, 2007), y aumenta el riesgo de ocurrencia de brotes en los países industrializados que poseen una gran inversión en el sector avícola, como es el caso de España. Por ello, la inversión de la administración pública y del sector privado en herramientas de prevención y control en materia de sanidad animal, es básica para el buen funcionamiento de la industria ganadera dentro y fuera de un país. Los modelos predictivos que reproducen la dinámica de difusión de las enfermedades, son una parte fundamental de dichas herramientas de prevención, ya que, al identificar áreas de mayor o menor riesgo, aportan una información crucial, que ayuda a orientar la gestión de recursos destinados a la prevención, y control de la IAAP.

En este estudio, se ha realizado por primera vez un análisis de la difusión de la IAAP en España, utilizando como modelo el escenario de la CA de CyL. Las diferentes aproximaciones metodológicas recogidas en esta tesis de manera detallada y los resultados obtenidos, resultan de gran utilidad para orientar los planes de vigilancia y control de la IAAP. Así mismo podrían ser utilizadas en el diseño de planes de vigilancia y control de otras enfermedades aviares en España, adaptando los parámetros necesarios para cada tipo de enfermedad y área de estudio.

La elección de la comunidad autónoma de CyL como escenario para el desarrollo de los modelos se ha basado en su importancia nacional en la industria avícola, en la identificación de algunas de sus provincias como zonas de alto riesgo de entrada de IAAP a través del comercio de aves vivas (Sánchez-Vizcaíno *et al.*, 2010; Iglesias *et al.*, 2010a) y de la migración de aves silvestres invernantes (Martínez *et al.*, 2009), así como su amplia

heterogeneidad en el sector avícola debido a las grandes diferencias interprovinciales que podemos hallar en ella.

El hecho de que España no haya sufrido epidemias previas de IAAP, imposibilita la recogida de datos de experiencias anteriores acerca de esta enfermedad en nuestro país. Por ello, los factores de riesgo, las características de la enfermedad y la efectividad de las medidas de contención considerados en los modelos, se han basado en los estudios previos sobre el riesgo de introducción de la IAAP en España (Martínez *et al.*, 2009 y 2010; Iglesias *et al.*, 2010a), así como en las experiencias de países que tienen una estructura avícola similar a la de España donde han ocurrido epidemias del virus, como es el caso de Holanda e Italia.

Los modelos de difusión desarrollados en este trabajo, se ajustan a los diferentes escenarios presentes en la avicultura española, permitiendo identificar las áreas de riesgo de difusión en gallinas de autoconsumo, avicultura complementaria, y gallinas industriales. En estas últimas además, se ha desarrollado un modelo de simulación de una epidemia desde su inicio en cada una de las granjas estudiadas, que ha permitido evaluar la dinámica y consecuencias de la misma de manera probabilística. La zona de estudio utilizada se asume como zona "estanca", es decir sería el equivalente a "dispersar" el virus por igual en ella en base a los factores de riesgo analizados. Por tanto, los modelos desarrollados se ciñen a la modelización de la difusión con el objetivo de determinar las áreas de mayor riesgo de difusión sin tener en cuenta los riesgos de entrada del virus en CyL.

En los siguientes apartados se discutirán la metodología y los resultados obtenidos en cada uno de los modelos de manera individualizada, para posteriormente comentar su posible aplicación de una manera global.

## 6.1. Discusión del modelo I: Zonificación del riesgo en gallinas industriales



El modelo I representa la primera pieza del análisis del riesgo de difusión de la IAAP en gallinas industriales. En él se han **identificado las zonas de mayor riesgo de difusión** en base a los factores de riesgo de cada explotación y los movimientos comerciales de aves vivas entre municipios. Una vez identificadas las áreas de mayor riesgo, se han evaluado las consecuencias en cada una de dichas áreas mediante el modelo estocástico de difusión o Modelo II. Adicionalmente se ha realizado un estudio de identificación de la correlación espacial de los resultados de riesgo a nivel municipal.

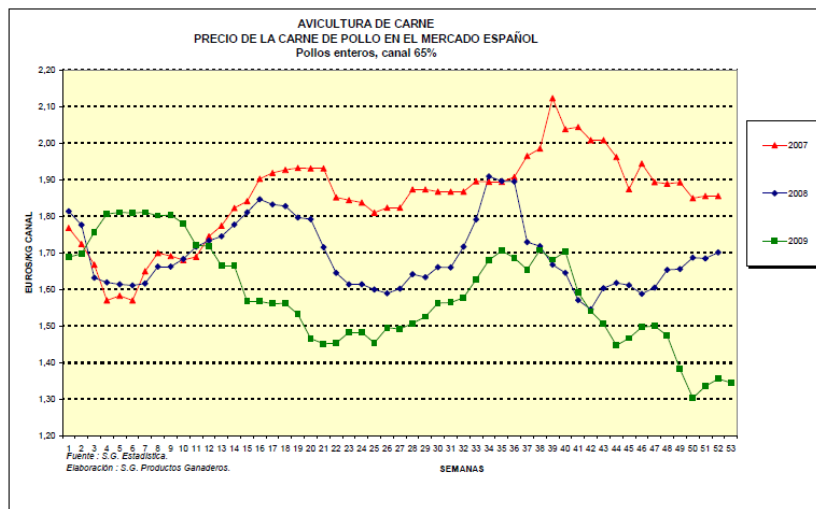
### 6.1.A. Discusión de los factores de riesgo del Modelo I

La información disponible para la avicultura de gallinas industriales es muy precisa, y esto ha permitido analizar en cada una de las explotaciones parámetros muy concretos como son el censo, la densidad, las encuestas de bioseguridad (que identifican los riesgos concretos en cada explotación), y los datos de movimientos de aves vivas entre explotaciones y a matadero.

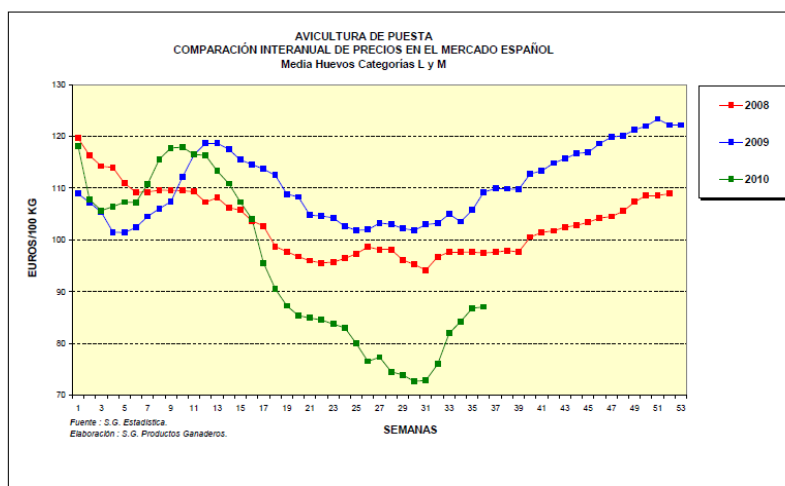
El análisis de sensibilidad del modelo muestra que no existen diferencias muy marcadas en cuanto a la influencia de cada una de las variables en el resultado final. A pesar de ello, sí se puede determinar que los **movimientos comerciales** de aves vivas dentro de CyL es la variable más influyente en el modelo. La importancia de los movimientos comerciales como vía de transmisión de la IA ya ha sido determinada anteriormente por diferentes autores (Ward *et al.*, 2008; Li-Qun Fang *et al.*, 2008; Senne *et al.*, 2003; Alphin *et al.*, 2010; Soares *et al.*, 2010). Es una vía de transmisión directa por las aves que se transportan, e indirecta por las personas, vehículos y materiales asociados a los movimientos (Thomas *et al.*, 2005). Por ello, el conocimiento de este tipo de patrones a través de estudios espaciotemporales y análisis de redes, es útil a la hora de determinar periodos y áreas de mayor riesgo que podrían ser más propensos a dispersar una enfermedad en el caso de que entrara (Christley *et al.* 2005; Martínez-López *et al.*, 2009b; Soares *et al.*, 2010).

La estadística descriptiva y el análisis espaciotemporal de los movimientos comerciales, ha identificado agrupaciones espaciotemporales de movimientos en Febrero, Abril, Marzo, Marzo, Octubre y Noviembre. En estos meses durante el periodo de estudio, también se produjeron un aumento del precio de la carne de pollo en el mercado español y un ligero aumento en los precios de los huevos, lo que confirma que fue un periodo de mayor demanda con mayor actividad comercial de ambos productos, como puede observarse en la **Figura 96** y **Figura 97**. Un estudio más prolongado en el tiempo, permitiría determinar si este patrón permanece a lo largo de los años. Otro hecho que podría estar unido a esta ligera temporalidad percibida, es que en los meses de más calor, desde mayo a agosto, el número de movimientos se reduce ya que las aves son muy delicadas en el transporte, y las elevaciones de temperatura conducen a mayores mortalidades durante los movimientos (Mitchell y Kettlewell, 2009).





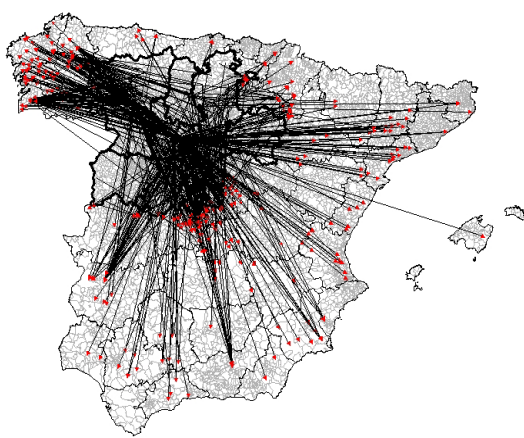
**Figura 96.** Comparación de la evolución anual de los precios de la carne de pollo en el mercado español en 2007, 2008 y 2009. Elaborado por la subdirección General de Ganadería (MARM, 2010b)



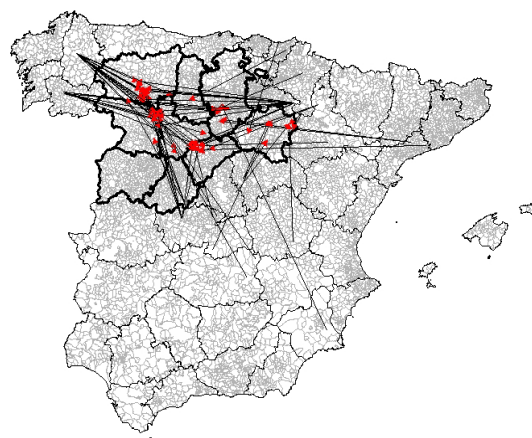
**Figura 97.** Comparación de la evolución anual de los precios de la avicultura de puesta en el mercado español en 2007, 2008 y 2009. Subdirección General de Ganadería (MARM, 2010a).

El estudio de redes de movimiento muestra un patrón de contactos heterogéneo, en parte por las diferencias comerciales existentes, y en parte, porque la red abarca los movimientos entre explotaciones y los movimientos de explotaciones a matadero, estos últimos son los más habituales y los que generan la mayor heterogeneidad en los resultados al tener valores muy superiores. Se observa un aparente aislamiento de algunas explotaciones en la red de movimientos, debido a dos factores: primero la falta de información de algunos movimientos, por ello el análisis de redes ajustado a municipio diluye este sesgo, que no permite mostrar todas las conexiones que realmente tienen lugar. El otro factor es el hecho de que el análisis está realizado en CyL de manera cerrada, es decir los movimientos a las comunidades autónomas colindantes no se han incluido. Por ello merece la pena destacar, que de los 4.425 movimientos registrados de aves vivas desde/hacia CyL a/desde otras

comunidades entre 2008-2009, 4.511 son de salida y 268 de entrada (**Figura 98** y **Figura 99**) mostrándonos que la tendencia más marcada es la de movimientos hacia el exterior. La provincia que más movimientos tiene de salida fuera de CyL es Valladolid, quedando patente la centralidad de la capital en este dato. Podemos comprobar lo importante que es la situación geográfica en las relaciones comerciales, ya que los núcleos más importantes se conectan con zonas cercanas, véase el ejemplo de Segovia-Madrid y León-Galicia. Así las provincias cercanas por el simple hecho de abaratamiento de costes de transporte, disminución de las horas de traslado, y mejora de la logística en general tienen mayor conexión.



**Figura 98.** Movimientos avícolas desde CyL al resto de España durante el año 2008-2009. Elaboración propia a partir de datos IRMA con Arc View3.2.



**Figura 99.** Movimientos avícolas a CyL desde el resto de España durante el año 2008. Elaboración propia a partir de datos IRMA con Arc View3.2.

Los registros actuales de movimientos sólo abarcan los dos últimos años, es de esperar que los contactos puedan modificarse a lo largo de los años, por lo tanto una futura mejora en la introducción de esta variable como factor de riesgo, sería ampliar el número de años con la información de los movimientos, conforme se vayan ampliando los registros actuales.

Se ha identificado que el tipo de explotación influye mucho en el número de movimientos diarios realizados. En los movimientos entre explotaciones destacan las incubadoras, seguidas de las reproductoras y en un segundo plano las ponedoras. Las explotaciones de broilers destacan en su mayor número de movimientos a matadero. El hecho de que las incubadoras contacten con un número mayor significativamente de explotaciones permite afirmar que en caso de estar infectadas producirían una mayor difusión de la enfermedad.

La variable **densidad** es la segunda más influyente en el modelo I. El patrón de densidades en gallinas industriales en CyL tiene una gran heterogeneidad, pudiendo encontrarse zonas con valores extremos de altas densidades, como ocurre en Segovia, donde se concentran granjas de broilers fundamentalmente, y algunas explotaciones de

reproductoras. CyL presenta una media de 1,14 granjas/km<sup>2</sup>, llegando a máximos de 7 granjas/Km<sup>2</sup>. Esta cifra supera las zonas de alta densidad de Holanda (>4kmgranjas/Km<sup>2</sup> en el Valle de Gelder), que fueron consideradas una de las dificultades fundamentales en la contención de la difusión de la epidemia de IAAP en 2003 cuando se comenzó a realizar el sacrificio de las aves (Stegeman *et al.*, 2004).

En los estudios de la epidemia en Italia de IAAP realizados por Busani *et al.* (2009) y Mannelli *et al.* (2004), también se confirma que las altas densidades de las aves industriales en la región de la Lombardia y el Veneto, en el norte del país, contribuyeron a la difusión de la enfermedad, estipulando que las distancias menores de 3Km entre las granjas resultan de alto riesgo para la difusión.

Es conveniente destacar que en el Real Decreto 1084/2005, de 16 de septiembre, de ordenación de la avicultura de carne y en aplicación de lo establecido el artículo 36.1 de la Ley 8/2003, de 24 de abril, con el fin de reducir el riesgo de difusión de enfermedades infecto-contagiosas en el ganado aviar, el MARM estipula que cualquier explotación que se instale con posterioridad a la entrada en vigor de esta norma deberá respetar una distancia mínima de 500 metros con respecto a las explotaciones ya existentes. Por tanto, la medida actual de distancias es muy inferior a la determinada como de riesgo en los estudios científicos realizados en Italia con respecto a la IAAP. Si bien es cierto que en otras enfermedades infectocontagiosas la distancia de 500 metros podría ser considerada suficiente.

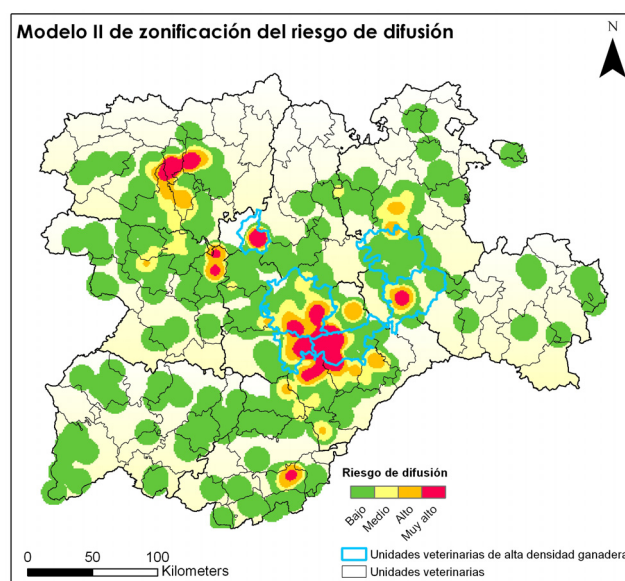
La variable **censo** aporta un peso similar a la variable densidad en el Modelo I. CyL alcanza valores medios de 60.933 aves/km<sup>2</sup>. El censo de gallinas industriales en CyL está concentrado de manera heterogénea y elevada en áreas muy concretas. En el ejemplo anteriormente citado de la epidemia de IAAP en Italia, tanto Busani *et al.* (2009) como Mannelli *et al.* (2006) identificaron también la importancia del censo aviar en la difusión de la misma, destacando que la zona afectada concentraba el 65% del censo de Italia, y presentaba municipios considerados como de elevada densidad con 70.000 aves/km<sup>2</sup> en la provincia de Verona (Capua y Marangon *et al.*, 2000; Mannelli *et al.*, 2004), es decir muy similar a las densidades citadas en determinadas zonas de CyL.

La **bioseguridad** aunque es un factor de riesgo básico, no es el más influyente en el modelo I. Esto es debido a que las grandes variaciones en los valores de bioseguridad determinada por las encuestas, están definidas por el tipo de explotación, siendo significativamente menor la bioseguridad en las explotaciones de ponedoras y broilers, y más elevada en las de incubadoras y reproductoras. Debido a que esta últimas presentan un número de explotaciones minoritario con respecto a las explotaciones de broilers y ponedoras, cuya bioseguridad si tiene mayor similitud, la variación de los valores en el modelo está muy focalizada y por ello su influencia en el modelo es menos perceptible.

### 6.1.B. Discusión del resultado general de la zonificación del Modelo I:

El mapa de zonificación del riesgo de difusión en gallinas industriales (**Figura 100**), muestra una distribución focalizada del riesgo, concentrada en la zona limítrofe del sur de Valladolid y zona norte de Segovia, en el norte de Valladolid y en la zona circundante a León capital. Estas tres zonas han sido identificadas también como puntos calientes de difusión en el análisis espacial posterior de los resultados. La primera es un área de alta densidad de explotaciones de todo tipo, la segunda destaca por su densidad de ponedoras, mientras que la tercera concentra fundamentalmente broilers. Son tres zonas de alta densidad ganadera, que presentan un importante flujo de movimientos de aves vivas. También se han identificado zonas menos extensas de alto riesgo en el norte de Valladolid, sur de Burgos, noreste de Zamora y sur de Ávila. Las ubicaciones de los tipos de explotaciones en las áreas de riesgo identificadas muestran que las explotaciones de reproductoras se encuentran ubicadas en un mayor porcentaje (31%) en zonas de muy alto riesgo, seguidas de las explotaciones de broilers (en un 28%). Las explotaciones de ponedoras tienen un mayor porcentaje en zonas de bajo riesgo.

Si comparamos los resultados del modelo I con las 5 unidades veterinarias (en azul en la **Figura 100**) establecidas como zonas de riesgo por el Plan coordinado de actuaciones frente a la influenza aviar de CyL, podemos observar que 4 de ellas incluyen las zonas consideradas de alto riesgo por el modelo I. Hay que destacar que el modelo I amplía estas zonas a 5 más (en rojo en la **Figura 100**) y que identifica dentro de unidades administrativas relativamente grandes, como pueden ser las unidades veterinarias, las zonas concretas de riesgo dentro de las mismas, incrementando la precisión necesaria para la elaboración de una vigilancia más enfocada.



**Figura 100. Resultado de la zonificación del riesgo de difusión de la IAAP en CyL en gallinas industriales. En azul se marcan las Unidades Veterinarias consideradas de Alta Densidad Ganadera por la JCCyL. Elaboración propia.**

### 6.1.C. Discusión sobre la metodología empleada en el modelo I

En el desarrollo de la metodología de este modelo, se han identificado los factores de riesgo intrínsecos a las explotaciones de gallinas industriales y se han unificado mediante la aplicación de técnicas de Evaluación Multicriterio (EMC). En los últimos 15 años, el empleo de la Evaluación Multicriterio (EMC) combinado con los Sistemas de Información Geográficos (SIG), ha tenido un gran auge, y ha permitido ejecutar numerosos estudios con interesantes resultados, en ordenación del territorio, análisis comerciales y en la búsqueda de localizaciones óptimas para cualquier actividad (Gómez y Barredo, 2005). La utilización de este método en la identificación de zonas de alto riesgo sanitario para su aplicación en la vigilancia y control sanitarios, ha sido empleada por diferentes autores como Clements *et al.* (2006) y Pfeifer *et al.* (2008) en distintas enfermedades como la Fiebre del Valle del Rift en África y la tuberculosis en Reino Unido. La FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación) en 2007 (León *et al.*, 2007) publicó unas recomendaciones metodológicas de Asistencia en la Vigilancia Epidemiológica (AVE) basadas en el uso de SIG y EMC para la vigilancia epidemiológica de la IAAP. Este sistema propone la consideración de unos factores de riesgo para la introducción de la IAAP y su unión en capas en un mapa, para evaluar el riesgo asociado a la enfermedad de un área determinada. Así mismo, el Royal Veterinary College de Londres ha aplicado esta metodología para estudios de entrada y difusión de la IAAP en Indonesia y África (Ghana, Etiopía, Kenya y Nigeria) (Stevens *et al.*, 2009; Glanville *et al.*, 2009). Uno de los inconvenientes del uso de EMC para la creación de mapas de riesgo con respecto a infecciones, es que no se puede estimar un riesgo absoluto, sino que permite describir las variaciones en un riesgo relativo (Stevens *et al.*, 2009). Por ello, este modelo se ha complementado en una segunda fase con un modelo estocástico de simulación (Modelo II) que ha permitido la obtención de unos valores absolutos de parámetros de dinámica y consecuencia de una epidemia.

En cuanto a la metodología de los análisis espaciales aplicados a los resultados del Modelo I, hay que destacar que han permitido identificar unas áreas muy concretas donde se concentran los municipios de riesgo. Existen diferentes test estadísticos para evaluar la asociación espacial entre diferentes regiones: I de Moran, C de Geary, Z de Mantel o G de Getis y Ord (Chasco, 2003; Pfeifer *et al.*, 2008). En este estudio, se ha empleado la I de Moran para identificar si existen agrupaciones espaciales significativas del riesgo de difusión. Al haberse encontrado estas agrupaciones, se aplicó el test de Gi-Ord Getis, que analizando los valores de riesgo identificados y los de las zonas colindantes permite determinar si son agrupaciones espaciales de valores altos o bajos de riesgo de difusión (Getis y Ord, 1992). Una de las desventajas de la prueba de autocorrelación del test de Moran, es la asunción de la hipótesis de que la población en riesgo se distribuye uniformemente en el espacio de estudio (Moran, 1950), y de que la correlación o la covarianza de la misma es similar en todas las direcciones (es decir, es isótropo). Por ello, el resultado de Moran puede ser debido sencillamente a resultados de la variación poblacional más que a un patrón espacial de la verdadera distribución de una enfermedad (Pfeifer *et al.*, 2008). Sin embargo, en la aplicación realizada en este trabajo del test de Moran, se han utilizado riesgos relativos por

municipio, en lugar del riesgo obtenido para cada explotación, incrementando la probabilidad de que la autocorrelación espacial observada refleje un patrón espacial real más que una distribución de una población heterogénea (Pfeifer *et al.*, 2008).

#### **6.1.D. Aplicabilidad del modelo I**

---

La difusión de la IAAP en aves industriales ha tenido efectos devastadores en el Sureste de Asia desde 2002 hasta la actualidad (Alexander y Brown, 2009), pero también en Europa, en países con una industria avícola bien desarrollada y similar a la de España, como es el caso de Italia en 1999-2000 con la cepa de H7N1 procedente de una cepa BP (Capua *et al.*, 2002) y de Holanda en 2003 con la cepa H7N7 de AP, en las que se sacrificaron más de 17.000.000 y 30.283.000 aves respectivamente, ocasionando gravísimas pérdidas económicas directas e indirectas (Capua y Alexander, 2004). Por ello, una detección precoz de la enfermedad y una vigilancia enfocada son una parte fundamental de un plan de contención y prevención frente a la IAAP. El modelo I destaca por el empleo de una metodología poco compleja pero que sin embargo permite, mediante el análisis de una información muy precisa de las explotaciones, identificar en qué áreas el riesgo de difusión es mayor, mediante un modelo, que gracias a la flexibilidad de su diseño podría ser actualizado de manera continuada de acuerdo con las variaciones de mercado y las variaciones estructurales del sector, con el fin de ofrecer una información que permitiría discriminar en que zonas se debería aplicar con una mayor intensidad una vigilancia o control de la enfermedad de manera actualizada. En este modelo se ha podido comprobar que las técnicas espaciales de identificación de focos calientes, permiten identificar aquellas áreas de mayor importancia esperada en la difusión de la IAAP en función de la distribución de los valores de riesgo identificados por el modelo.

## 6.2. Discusión del modelo II: simulación de una epidemia de IAAP



El modelo II es la fase final y complementaria del modelo I en el estudio del riesgo de difusión de la IAAP en gallinas industriales. El modelo II es un modelo de difusión estocástico tipo SEIR que mediante la simulación de una epidemia de IAAP en CyL, ha permitido **evaluar la dinámica de una difusión potencial de una epidemia de IAAP en CyL, los mecanismos de transmisión y realizar un análisis de las consecuencias** en general para toda CyL y en particular para cada una de las zonas de riesgo identificadas por el modelo I, así como evaluar la eficacia de las medidas de control estipuladas en la actualidad. El modelo II es un modelo de difusión estocástico o probabilístico desarrollado mediante el programa Interspread Plus, que nos ha permitido reproducir una epidemia de IAAP en el escenario de CyL.

### 6.2.A. Discusión de los parámetros incluidos en el Modelo II

#### 6.2.A.1. Discusión de los parámetros intrínsecos a las explotaciones:

Dentro de los parámetros que podríamos considerar intrínsecos a la explotación, la **difusión local** ha sido identificada en el análisis de sensibilidad como uno de los parámetros más influyentes en el modelo II. La difusión local está altamente ligada con la densidad de las explotaciones ya que implica una difusión entre explotaciones cercanas. Este resultado está acorde con las epidemias ya citadas de Holanda e Italia, donde la densidad y cercanía de las explotaciones jugó un papel muy importante en la difusión de la IAAP entre explotaciones (Busani *et al.*, 2009; Mulatti *et al.*, 2007; Boender *et al.*, 2007a, Mannelli *et al.*, 2006; Dorigatti *et al.*, 2010). Así mismo, está acorde con el modelo I en el que la densidad, es el segundo parámetro más importante en el modelo. Ambos factores, densidad y difusión local han sido explicados por Henzler *et al.*, 2003 mediante el fenómeno de "contigüidad", que hace alusión al fenómeno de difusión entre explotaciones vecinas resultando estadísticamente muy significativa esta vecindad.

Los **movimientos** entre explotaciones es otro de los parámetros intrínsecos más influyentes en el modelo II al igual que ocurría en el modelo I, de tal manera, que si los movimientos entre explotaciones se duplicara, la difusión de la IAAP incrementaría en un 31%. La parametrización de los movimientos incluye un gran número de variables, pero presenta un sesgo que debe considerarse, ya que se realiza mediante distribuciones que estiman la probabilidad de movimiento por tipo de explotación (reproductoras, broilers, ponedoras e incubadoras). Estas estimaciones se basan en distribuciones que contemplan los datos de los movimientos diarios entre explotaciones y las probabilidades de los mismos ajustadas a las distancias entre el origen y el destino. Esta generalización homogeniza los datos por tipo de

explotación perdiéndose la intensidad de movimiento de algunos focos, pero corrige la falta de información registrada por el IRMA acerca de los movimientos de algunas explotaciones.

La **bioseguridad** es el tercer parámetro más influyente en el modelo. En este caso, se ha introducido mediante distribuciones probabilísticas de bioseguridad para cada tipo de explotación (broilers, reproductoras, incubadoras y ponedoras). En el Modelo II la bioseguridad cobra un poco de más importancia que en el Modelo I. Esto es debido a que en el Modelo II el parámetro bioseguridad va categorizado en función del tipo de explotación y se introduce en cierta medida asociado a la variable movimientos que es uno de los parámetros en los que más influye la presencia o ausencia de bioseguridad.

La **“susceptibilidad”** por tipo de explotación, muy asociado a los parámetros “movimientos” y “bioseguridad”, muestra las variaciones en función del tipo de explotación, siendo las granjas de reproductoras y de incubadoras las explotaciones que mayor número de granjas infectarían, en caso de ser el foco original de una epidemia, con promedios de 4,56 y 4,58 granjas y máximos de 50 y 27 granjas respectivamente. Este resultado es coherente si tenemos en cuenta que son el tipo de explotaciones que mayor número de movimientos realizan a otras explotaciones. En el caso de ponedoras y broilers, los promedios son de 1,93 y 1,69 con máximos de 42 y 27 respectivamente. Comparando estos dos tipos productivos, las ponedoras presentan una mayor “susceptibilidad de difusión”, que puede ser justificada por varios motivos. Uno de ellos es el mayor número de movimientos entre explotaciones que presentan las ponedoras con respecto a los broilers. El otro es el hecho de que las ponedoras presenten unos ciclos de vida productiva más largos que los de los broilers, concretamente superiores a 10 semanas, que son los determinados por Thomas *et al.* (2005) como de mayor riesgo.

#### 6.2.A.2. Discusión de los parámetros extrínsecos a las explotaciones:

---

Los parámetros extrínsecos incluyen las **medidas de vigilancia y protección** vigentes en la actualidad en España (comentadas en el apartado 2.3.B. Planes de vigilancia y control de Influenza aviar en España), cuyas directrices han sido introducidas en el modelo II y que son similares para todas las enfermedades salvo las vectoriales.

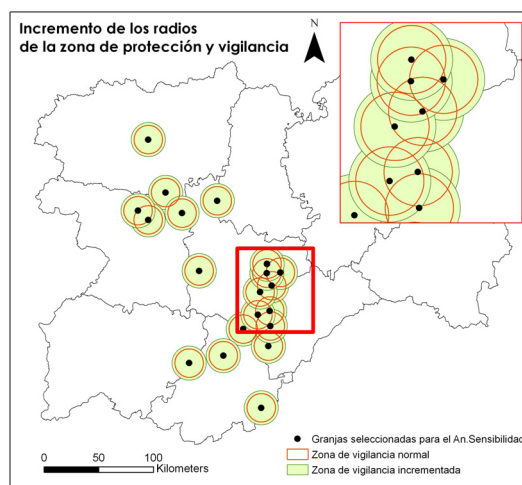
EL **tiempo de detección e inicio del sacrificio son los parámetros extrínsecos** que muestran una mayor influencia en la difusión. De tal manera que si el tiempo de detección se duplicara, la difusión incrementaría en un 26%. Un tiempo de detección corto, es una de las medidas más importantes de control frente a la difusión de la IAAP (Elbers *et al.*, 2004), ya que solamente pueden ponerse en marcha las medidas de sacrificio una vez que se ha detectado la enfermedad. Este resultado concuerda con lo obtenido por Dorigatti *et al.*, 2010 y Le Menach *et al.*, 2006 en dos estudios realizados, mediante un modelo SEIR basado en la epidemia de Italia y un modelo estocástico de transmisión entre granjas basado en la epidemia de Holanda, en los cuales se destaca un comienzo rápido del sacrificio preventivo facilita la erradicación de la enfermedad.



En la actualidad, el MARM dispone de sistemas móviles de sacrificio masivo de aves, que se mantiene permanentemente actualizado para su utilización en condiciones sanitarias adecuadas y en un breve espacio de tiempo en caso de ser necesario (MARM, 2010). Sin embargo, si no existe una buena detección precoz todo el andamiaje de la prevención pierde su efectividad. Un ejemplo claro lo muestra la epidemia Holandesa de IAAP en 2003, en la cual, una de las causas que propicio el retraso en la actuación, fue el hecho de no estar preparados “mentalmente” para encontrar IAAP. Las aves presentaron unas lesiones en las necropsias muy poco específicas y además, el último brote de la enfermedad había ocurrido hacía 75 años, con lo cual, la enfermedad no estaba incluida en los diagnósticos diferenciales habituales. El resultado fue que se tardó mucho en tomar la decisión de hacer el diagnóstico laboratorial de IAAP, retrasando de manera catastrófica la rapidez de las medidas de contención, en una epidemia que llegó a afectar a varias personas de manera leve y a una de manera fatal (Elbers *et al.*, 2004). Otro ejemplo ilustrativo de la importancia de una detección precoz de la IAAP, sería la teoría propuesta por Eagles *et al.* (2009), que asocia la amplia diseminación de la IAAP en países del sudeste asiático a la alta mortalidad causada por otras infecciones (como la enfermedad de Newcastle, que es común en algunas zonas), que ha contribuido a los retrasos en la detección y el diagnóstico de la IAAP (Eagles *et al.*, 2009).

Los **radios de las zonas de vigilancia y protección** influyen en el modelo mostrando, y su incremento disminuye la difusión. Si duplicáramos los valores de los radios aumentándolos a 6 y 20 Km., la difusión a otras granjas disminuiría en un 2%. Por ello, es necesario analizar la relación coste beneficio del incremento de los radios, ya que uno de los costes más importantes en una epidemia vienen derivados de las restricciones de movimientos y de los despliegues de personal para vigilar de manera adecuada las áreas consideradas de riesgo.

El análisis de sensibilidad de este parámetro señala una disminución en un 220% de los animales sacrificados en el caso de duplicar los radios de la zona de vigilancia y protección. Esta marcada disminución debe entenderse con cautela. En un estudio más pormenorizado de esta disminución, se ha podido observar que de las 20 explotaciones elegidas al azar, para el análisis de sensibilidad, 5 de ellas están a menos de 15 kilómetros pero a más de 10Km de otra granja vecina. En esas 5 explotaciones (20% de los casos) al aumentar el radio, se anula la probabilidad de difusión a dicha granja y ese es el motivo por el cual disminuye el número de animales afectados de una manera tan notoria. (**Figura 101**).



**Figura 101. Detalle del estudio del análisis de sensibilidad del Modelo II, en el que se muestra el incremento en un 20% de los radios de las zonas de vigilancia y protección (modificación del escenario \$). Elaboración propia.**

El aumento del **tiempo de permanencia de las zonas de vigilancia y protección** no varía de manera significativa los resultados del modelo. Los tiempos de 20 y 30 días permiten un control suficiente de la difusión de la enfermedad.

En términos generales estos resultados nos permiten sugerir que las medidas estándar de intervención exigidas por la UE (un *status quo* de movimiento, las medidas de bioseguridad y el sacrificio de las granjas infectadas) y adoptadas en nuestro país, se presentan como suficientes para frenar la propagación local de una epidemia en un escenario como el de CyL. Hay que resaltar que, históricamente, la UE buscaba en las medidas de contención una estrategia que permitiera encontrar un alto status sanitario en el menor tiempo posible. Sin embargo, tras las epidemias de H5 y H7 de IAAP, se modificó la Directiva del Consejo 92/40/CE mediante la 2005/94/EC, y se aceptaron otro tipo de medidas de contingencia como es la vacunación, siempre que exista una justificación previa del país afectado. Como hemos comentado en otros apartados, el sacrificio masivo de la epidemia de H7 AP en 2003, causó la muerte de aproximadamente 30 millones de aves en Holanda y de 4,5 millones más en Bélgica. Aunque sólo 254 granjas estaban afectadas, el sacrificio preventivo se extendió a las 17.584 explotaciones cercanas que se consideraron de riesgo. Es decir, sólo una pequeña parte de las aves sacrificadas pertenecían a explotaciones infectadas (Elbers *et al.*, 2004; Vandendriessche, 2009). Estos sacrificios masivos generan unos costes directos muy importantes tanto por los sacrificios como por las indemnizaciones a los ganaderos, así como unos costes indirectos por el tiempo de vacío sanitario, la disminución del consumo y los efectos sobre la opinión pública con respecto al sector y a las medidas adoptadas. Realmente, los brotes ocurridos en aves domésticas en los últimos años de IAAP en Francia, Dinamarca y Suecia de H5 y en España de H7, nos muestran que un control eficiente es posible con las medidas en vigencia actuales, sin tener consecuencias devastadoras (Vandendriessche *et al.*, 2009).

## 6.2.B. Discusión de la dinámica y consecuencias de una epidemia evaluadas en el Modelo II:

Los resultados muestran una dinámica de la enfermedad y unas consecuencias muy diferentes dentro de cada una de las zonas de riesgo identificadas por el modelo I (Bajo, Medio, Alto y Muy Alto riesgo), obteniéndose los resultados más devastadores del modelo II en las zonas de mayor riesgo identificadas por el modelo I. En cuanto a la dinámica de la enfermedad, hay que destacar que la **media de granjas infectadas** en la zona de Muy alto riesgo es superior en un 10, 30 y 40% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo respectivamente; y que **la media de duración de las epidemias** de 3,34 días en la zona de mayor riesgo, es superior en un 15, 32 y 46% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo respectivamente. En cuanto a las consecuencias de la difusión, el **número de animales infectados** muestra en la zona de Muy alto riesgo unos valores superiores en un 18%, 64% y 75% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo respectivamente. Destaca la gran variación del número de animales infectados dependiendo del tipo de explotación que haya sido el origen de la epidemia, siendo las incubadoras seguidas de las ponedoras los tipos de explotación que mayor número de animales afectados presentan. También se observan diferencias significativas en el **promedio de granjas "vacías"**, que muestra valores en la zona de Muy alto riesgo superiores en un 5, 27 y 40% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo respectivamente. Por lo tanto, a la hora de seleccionar un área para la aplicación de recursos de vigilancia y control eficaces, sería mucho más eficiente centrar los recursos en una zona de Alto Riesgo pues el porcentaje de mejora de resultados sería bastante razonable.

Las consecuencias económicas estimadas oscilan entre 11 y 87 millones de euros. Sin embargo, estas aproximaciones son poco precisas para las simulaciones obtenidas con bajo número de animales afectados, ya que se han utilizado datos de grandes epidemias. Desafortunadamente, no se han obtenido datos para otros brotes de menor tamaño en países similares a España, y en consecuencia la curva exponencial de animales afectados/coste económico utilizada, parte de un inicio muy plano, que nos ofrece una variación mínima de costes en brotes menores de 160.000 animales sacrificados.

Los costes de los brotes de las enfermedades aviares se conocen desde hace años. No siempre la IAAP ha sido la causante, por citar un ejemplo diferente, el brote de Newcastle en aves de corral en California entre 1972 y 1974, asociado a movimientos ilegales de aves vivas exóticas, causó el sacrificio de casi 12 millones de pollos y el coste de la campaña de erradicación se estimó en unos 56 millones de dólares (Van den Berg, 2009). El impacto económico y social de la influenza aviar ha aumentado desde el inicio de la actual epidemia de IA del subtipo H5N1AP. El miedo a los elevados costes, calculados en varios billones de dólares, a la infección fatal de personas, y al descenso de las economías nacionales, ha originado fuertes inversiones por parte de la economía mundial (McLeod *et al.*, 2010). Así, desde que comenzó la epidemia de IAAP en Asia en 2003, se han comprometido 2.700 millones de dólares, y han sido invertidos por el Banco Mundial 1.500 millones de dólares para luchar y estar preparados frente a la enfermedad. De la misma manera, se han gastado

grandes sumas y recursos en los países afectados o en con alta percepción de riesgo (Martínez *et al.*, 2008). Es decir, la amenaza planteada en los últimos cinco años, según el Banco Mundial, ha unido a la sanidad animal y humana, a las comisiones de emergencia, y al sector de las comunicaciones, para trabajar de una manera multidisciplinar que engloba todos los sectores y fronteras (Banco Mundial, 2009). Si a las grandes consecuencias económicas de los brotes de H7 AP ocurridos en países con alta tecnología avícola como Canadá, Italia y Holanda, le sumamos el coste de los ocurridos en Asia por H5N1, que se estima que han afectado a 200 millones de aves, podemos concluir que la IAAP ha generado un gran impacto afectando a diversas economías nacionales y también de manera importante a la economía mundial (Capua *et al.*, 2008; Vandendriessche *et al.*, 2009).

Los costes asociados a una epidemia comprenden gastos directos e indirectos dentro de un país (**Tabla 49**), y también daños a los mercados de otros países (Vandendriessche, 2009). Los gastos directos están asociados fundamentalmente al sacrificio de aves y a las indemnizaciones a los ganaderos, mientras que los indirectos comprenden el tiempo que las explotaciones permanecen inactivas, la caída de precios en el mercado, la disminución del consumo, la desestabilización del mercado avícola en una zona o país causada por el desempleo generado, y las fuertes pérdidas económicas, asociadas también a las restricciones de comercio que se aplican (Capua y Marangon, 2000). Las medidas de contingencia a tomar cuando aparece un brote es un tema controvertido, sanitaria y políticamente hablando. El sacrificio masivo de animales en Reino Unido a causa de la epidemia de fiebre aftosa (en 2001), y las 13.000.000 aves sacrificadas en Holanda en 2003 a causa de la IAAP conmocionaron a la opinión pública. En ambos casos se justificó científicamente que la medida de sacrificio fue la más apropiada (Morris *et al.*, 2001; Stegeman *et al.*, 2004 respectivamente). Sin embargo, trabajos posteriores han mostrado que el sacrificio masivo fue innecesario e ineficaz, y que fue causado en parte porque los modelos aplicados determinaron un riesgo de difusión muy superior al real (Honhold *et al.*, 2004 a,b; Taylor *et al.* 2004, Thrusfield *et al.*, 2005a, b; Wingfield *et al.*, 2006). No es este el debate del presente trabajo, pero sí, destacar que los resultados del modelo II sugieren que las medidas estándar de intervención que exige la UE (un *status quo* de movimiento, las medidas de bioseguridad y el sacrificio de las granjas infectadas y las explotaciones de contacto peligrosas) son suficientes para frenar la propagación local, como también han sugerido Le Menach *et al.* (2006) y Dorigatti *et al.* (2010). El uso de planes de prevención y análisis de riesgo o modelos de enfermedades, en general, cualquier herramienta que ayude a estimar una predicción, es de gran utilidad a la hora de poner en marcha y tener preparado un equipo de detección y control eficaz y a la vez aceptable económicamente.

COSTES DIRECTOS	COSTES INDIRECTOS
<ul style="list-style-type: none"> <li>● <b>Sacrificios</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>— Realización de sacrificios masivos (incineración, etc.)</li> <li>— Indemnización por animal</li> <li>— Pérdidas de producción</li> </ul> </li> <li>● <b>Inmovilizaciones</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>— Pérdidas de transportistas</li> <li>— Pérdidas de producción</li> </ul> </li> <li>● <b>Análisis de diagnóstico y aislamiento del virus en la zona.</b></li> <li>● <b>Vacunaciones en anillo</b></li> <li>● <b>Limpieza y desinfección de las granjas afectadas.</b></li> <li>● <b>Servicios veterinarios y humanos</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>— Equipamiento adecuado de protección (EPIs específicos)</li> <li>— Vacunación preventiva del personal de riesgo</li> <li>— (En el caso de Influenza Aviar)</li> <li>— Contratación de más personal formado</li> <li>— Horas extras</li> </ul> </li> <li>● <b>Materiales</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>— Limpieza y desinfección</li> <li>— Toma de muestras</li> </ul> </li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● <b>Cierre de mercados</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>— Animales vivos</li> <li>— Carne y productos cárnicos</li> <li>— Huevos y ovoproductos</li> </ul> </li> <li>● <b>Caída de precios en el mercado</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>— Incremento de los gastos de producción</li> </ul> </li> <li>● <b>Alarma social.</b> (En el caso de Influenza Aviar) <ul style="list-style-type: none"> <li>— Incremento de las vacunaciones en personas</li> <li>— Desconfianza de los consumidores</li> </ul> </li> <li>● <b>Descenso del turismo</b></li> <li>● <b>Otras consecuencias</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>— Estrés post-traumático en los ganaderos</li> </ul> </li> </ul>

Tabla 49. Costes económicos directos e indirectos asociados a la ocurrencia de una epidemia. Elaboración propia mediante la revisión bibliográfica de Capua y Marangon, 2007; EFSA 2008; Vandendriessche, 2009; Soares 2010.

### 6.2.C. Discusión de la metodología empleada en el Modelo II: Interspread Plus

Como se ha descrito en la introducción, los modelos SEIR hacen uso de ecuaciones diferenciales para modelar el mecanismo de infección de una enfermedad, asumiendo que una granja puede estar en uno de estos estados: susceptible (S), expuesto (E), infeccioso durante un tiempo o infectado (I) y recuperado (R). Sin embargo, si le añadimos información relevante de otras covariables, como son los movimientos de aves vivas entre explotaciones, las localizaciones de las explotaciones, zonas de vigilancia, difusión local etc., los modelos aumentan enormemente de complejidad complicando la estimación o directamente impidiendo el análisis. Para salvar este obstáculo, R.S. Morris y sus colaboradores de la Universidad de Massey diseñaron en 1990 el programa informático Interspread Plus. Este programa permite generar un gran modelo estocástico, a través de una simulación compleja que integra múltiples factores y es capaz de predecir la propagación de la infección basándose en ellos (Keeling, 2002). Aunque fue desarrollado en los años 90, fue su utilización

en 2001, en la epidemia de fiebre aftosa que asoló el Reino Unido, lo que hizo destacar el empleo de este programa en la modelización de enfermedades animales (Keeling, 2002). Posteriormente, ha sido utilizado en múltiples modelos en otras regiones o enfermedades animales como por ejemplo en fiebre aftosa en la República de Corea (Yoon *et al.*, 2006), peste porcina clásica en España (Martínez-López *et al.*, 2008), Dinamarca (Boklund *et al.*, 2008) y Bélgica (Ribbens, 2009), así como en IAAP en Hong Kong (Yu-Hsin, 2006) por la Universidad de Massey (N.Zelanda) y recientemente por Vandendriessche *et al.* (2009) y Longworth *et al.* (2009) para simular los costes de las pérdidas directas e indirectas de una epidemia en Bélgica y Holanda respectivamente.

Una de las ventajas de la utilización de este programa es que más que un modelo en sí, es un “taller de modelización”. Podríamos definirlo como un escenario con acceso a todo tipo de actores y de efectos especiales, permitiéndonos alcanzar un realismo máximo que nos va a permitir tomar decisiones más acertadas en cuanto a los resultados obtenidos. Sin embargo, esta ventaja es a la vez un inconveniente, ya que el hecho de permitirnos incluir múltiples variables y una amplia parametrización de efectos en las mismas, conduce a que los errores que puede conllevar cada una de ellas se vayan sumando en el modelo final. Este amplio repertorio de áreas de parametrización, hace posible incluir variables y matices de difusión que en otros modelos SEIR serían imposibles, como son por ejemplo las zonas de protección y vigilancia, cuya eficacia en el control de la difusión era uno de los puntos de interés en este modelo. Estas zonas de protección se han incluido aplicando sus áreas y tiempos de duración, dentro de las cuales, las explotaciones presentan unas características concretas de periodicidad de vigilancia, restricción de movimientos o sacrificio, etc. Estas características son aplicadas por el programa en base a la localización espacial de cada explotación, que permite computar las explotaciones incluidas en los radios de las zonas de vigilancia y protección en el desarrollo de cada una de las epidemias simuladas. Este tipo de cálculos, en un modelo SEIR sería imposible o desde luego inviable en cuanto a términos de esfuerzo/resultado (Keeling, 2002).

Sin embargo, y a pesar de la amplísima diversidad de parámetros que Interspread Plus permite introducir, es necesario destacar, que son sólo parámetros de la explotación o de los mercados, con su vigilancia y movimientos de contacto entre ellos, pero otro tipo de focos infectivos o áreas de difusión como podrían ser los humedales de riesgo incluidos en el Modelo III no pueden incluirse en este modelo. Se ha asumido el sesgo, y se ha elaborado el modelo estocástico basado en aquellos supuestos considerados clave, que estuvieran disponibles y que fueran a su vez metodológicamente viables. En este sentido, el grupo de investigación Epi Suat del Centro Visavet de la UCM, está desarrollando en colaboración con la Facultad de Matemáticas de la misma universidad, un modelo más flexible que permitirá en un futuro cercano ampliar la modelización a otros focos accesorios distintos de las explotaciones o mercados (Martínez-López *et al.*, 2010), como pueden ser los humedales que hemos citado o por ejemplo reservorios de animales silvestres localizados en cotos en el caso de otras enfermedades como tuberculosis o lengua azul. Este hecho es de gran relevancia,

ya que el único brote ocurrido en España en gallinas ponedoras industriales, tiene un origen asociado aparentemente a las aves silvestres de un humedal cercano (Martínez *et al.*, 2010). Dicho humedal ha sido identificado de riesgo en la aplicación del modelo de humedales de riesgo que se ha realizado en el contexto del Modelo III (Iglesias *et al.*, 2010e), por ello, se considera que incluir este tipo de parámetros es una mejora a valorar futuros modelos.

#### **6.2.D. Aplicabilidad del Modelo II: Interspread Plus**

---

El modelo II muestra unos resultados exhaustivos que indican cómo evolucionaría una difusión, permitiendo predecir la dinámica y consecuencias en cada una de las zonas de riesgo obtenidas por el modelo I, identificando el número de granjas y animales afectados, los mecanismos de transmisión más importantes, la temporalidad de una epidemia, y los gastos que esta difusión ocasionaría, así como la eficacia de las medidas de control estipuladas en la actualidad. Poniendo de relieve que mediante las técnicas de simulación estocástica de la dinámica de una epidemia se generan resultados probabilísticos de gran utilidad para la elaboración de los programas de control y vigilancia, así como para la evaluación de su eficacia y la identificación sus puntos críticos.

### 6.3. Discusión sobre la comparación del modelo I y II

La coherencia de los resultados obtenidos por los modelos I y II en términos generales y con una mayor significación en los datos más extremos, proporciona evidencia de que cada uno de los parámetros introducidos es consistente en su enfoque para la simulación de la difusión de la IAAP en una población de explotaciones avícolas. Esta coherencia implica que las hipótesis adoptadas en cada modelo a la hora de la introducción de los parámetros de manera determinística o estocástica ha sido adecuada y a su vez sirve para aumentar la confianza del usuario final en las predicciones ya que, aunque existen diferencias de clasificación de algunas explotaciones entre los niveles intermedios de riesgo (Medio y Alto), las zonas de Muy alto riesgo y de Bajo riesgo son prácticamente similares, por lo tanto las decisiones de gestión de vigilancia destinadas a priorizar zonas o a desechar áreas de bajo riesgo, hubieran sido similares usando uno u otro modelo.

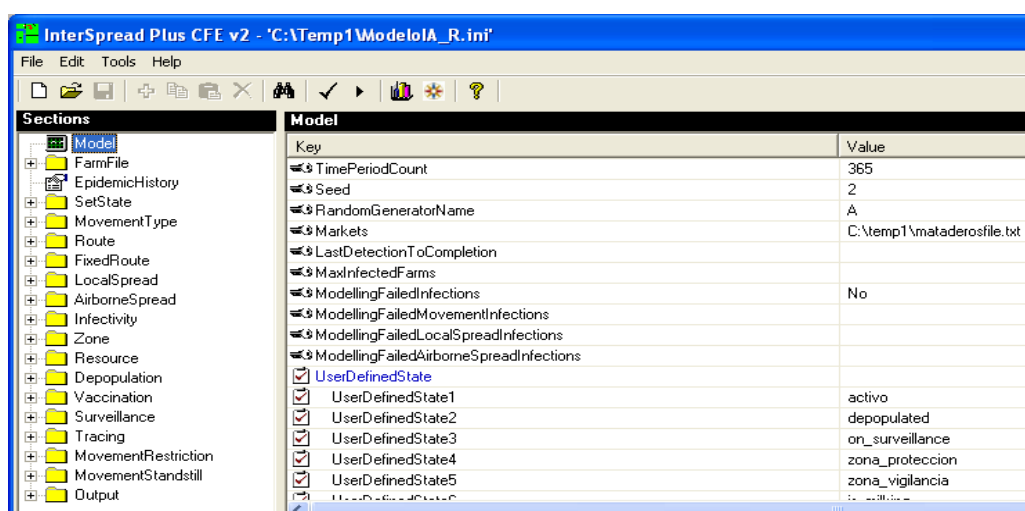


Figura 102. Detalle de una de las pantallas generales del modelo Interspread Plus, en la que se observa en la ventana izquierda las diferentes carpetas donde se introducen los parámetros que regulan cada uno de los submodelos que incluye la simulación.

Sin embargo, existe una diferencia en cuanto a la formación necesaria para su realización. El programa utilizado para la ejecución del Modelo II (Interspread plus) requiere de un largo entrenamiento para su uso, ya que si bien es una interfaz (Figura 102) "amigable" y de fácil entendimiento para el usuario, el método de introducción de cada uno de los parámetros de ajuste del modelo requiere un buen conocimiento de la enfermedad y de su desarrollo en otras epidemias así como de epidemiología y de estadística. De hecho, la mayoría de los más de 90 parámetros que incluye el modelo, han sido introducidos como distribuciones probabilísticas (Anexo III). Este hecho, unido a que es un producto comercial, hace que su uso sea más aconsejable en el caso de disponer de tiempo de elaboración, personal con conocimiento de manejo especializado y por supuesto de la licencia de uso del mismo (Keeling, 2002). Comparativamente en este último aspecto hay que decir que si bien el modelo I se ha realizado en gran parte mediante el programa SIG ArcGis 9.3., cuya licencia es necesaria, análisis similares podrían ser llevados a cabo con otros programas SIG de libre distribución disponibles actualmente en la red como son GRASS o gvGis



Por lo tanto, a modo de resumen, se puede sugerir que en situaciones de alto conocimiento de una zona y pocos recursos de actuación, los resultados nos muestran que deberían emplearse métodos determinísticos como el Modelo I que una vez puesto a punto permite la actualización de sus variables en un periodo de tiempo relativamente corto. Sin embargo para la obtención de resultados de consecuencia como son el número de granjas afectadas, el número de animales sacrificados, y un acercamiento a costes económicos, o bien la evaluación de los métodos de contención más eficaces en cada escenario, deberían aplicarse modelos asociados como el uso del modelo I y II simultáneamente que aportan unos resultados con más amplitud de datos de salida en la simulación de una difusión. En la Tabla 50 se muestra la comparativa de las ventajas e inconvenientes de ambos modelos en cuanto a sus aplicaciones, resultados que proporciona y dificultad de elaboración.

Característica del análisis comparadas	Modelo I: Zonificación del riesgo de de difusión de IAAP. Modelo determinístico	Modelo II: Simulación de la difusión de la IAAP. Modelo estocástico dinámico
Accesibilidad del programa informático	Los SIG pueden ser libres o de pago	Programa comercial de pago
Manejo del programa	Sencillez y facilidad de repetición	Análisis complejo Requiere experiencia de manejo o tutorización por parte de los autores.
Diseño del análisis	Flexibilidad de diseño	Restricciones de diseño asociadas al marco preestablecido del programa
Parámetros y datos	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Utiliza pocos parámetros pero medibles de manera individualizada por explotación</li> <li>• Datos determinísticos</li> </ul>	-Contiene muchos parámetros pero son estimaciones de tipos de explotaciones. -Para la determinación de parámetros son necesarias consultas a expertos -Datos estocásticos
Resultados	-Identificación de zonas de riesgo de difusión muy precisas ajustadas a la información individualizada por explotación. -No incluye temporalidad -No describe mecanismos de transmisión. -No permite una aproximación más que una aproximación teórica a las consecuencias.	-Identificación de zonas de riesgo asociadas a distribuciones-estimaciones que alejan los e riesgo muy precisas ajustadas a la información individualizada por explotación. -Describe la temporalidad de la epidemia -Describe los mecanismos de transmisión -Permite analizar las consecuencias (animales sacrificados, explotaciones afectadas...)
Aplicabilidad	Utilidad para los responsables sanitarios y políticos en las elaboraciones de planes de control y vigilancia mediante la identificación de zonas de mayor riesgo de difusión	Utilidad para los responsables sanitarios y políticos en la elaboración y evaluación de la eficacia de los programas de control y vigilancia, así como para la identificación de los puntos críticos de las medidas de control vigentes en la actualidad.
Complementariedad	Identificación de los escenarios de mayor riesgo permitiendo seleccionar escenarios de diferente riesgo	La selección de los escenarios realizados por el modelo I permite realizar un análisis comparativos de consecuencias y medidas de contención necesarias en cada uno de los escenarios

**Tabla 50. Tabla comparativa de las ventajas e inconvenientes de cada uno de los dos modelos de riesgo de difusión elaborados en gallinas industriales, para poder visualizar la complementariedad de ambos.**

## 6.4. Discusión del Modelo III: Zonificación del riesgo de difusión en ACGA



El Modelo III ha **identificado las zonas de mayor riesgo de difusión de la IAAP en las gallinas de autoconsumo y en la avicultura complementaria de CyL** (identificadas a lo largo del trabajo como ACGA) en base a los factores de riesgo de cada explotación y a factores medioambientales. Una vez identificadas las áreas de mayor riesgo, se han **evaluado los meses de mayor riesgo** mediante un análisis espaciotemporal.

### 6.4.A. Discusión de los factores de riesgo del Modelo III:

Los resultados obtenidos en este modelo destacan por la importante aproximación aportada a la difusión de la IAAP en un tipo de avicultura más marginal y menos analizada en el contexto de España pero que, sin embargo, ha jugado un papel definitivo y fundamental en la difusión de la IAAP en Asia (Tiensin *et al.*, 2005), y en el marco europeo, tanto en países con una avicultura menos desarrollada (Turquía y Rumanía) (Ward *et al.*, 2008; OIE, 2010a) como en países con una avicultura similar a la nuestra, como es el caso de Italia (Capua *et al.*, 2000). Un reciente estudio de Cecchinato *et al* 2010 concluye que la avicultura de autoconsumo puede tener una gran importancia no solo en la difusión dentro de este sector, si no como puente entre aves silvestres y aves industriales, señalando que debería hacerse hincapié en la vigilancia de los distribuidores de este sector.

Por este motivo, se ha realizado el estudio de este tipo de avicultura, ya que aunque la información disponible para este tipo de explotaciones es muy reducida y el censo de ACGA no supera el 1% del censo avícola total de CyL, el número de granjas de ACGA es muy alto, y este modelo ha permitido ajustar el estudio en la medida de lo posible a la realidad de CyL.

#### 6.4.A.1. Discusión de los factores de riesgo intrínsecos:

Los resultados muestran que los **censos** de las explotaciones, son el factor intrínseco de la explotación que más influye en el modelo I. La distribución de los censos de las granjas de ACGA en CyL, es poco heterogénea, fundamentalmente en aquellas explotaciones con un censo inferior a 100 cabezas, que son el 95%. El 5% restante, con valores superiores, es avicultura complementaria industrial, y el modelo acusa esas variaciones de censo.

A diferencia de los modelos I y II en gallinas industriales, la **densidad** de las explotaciones de ACGA tiene una menor influencia en el riesgo de difusión. La exploración estadística espacial y el análisis del Modelo III, muestran que las granjas de ACGA presentan una homogeneidad de densidad muy superior a las explotaciones de gallinas industriales.

Esto hecho puede asociarse a que estamos analizando un sector en su mayoría de autoconsumo, es decir, su distribución va ligada fundamentalmente a las localizaciones donde habitan los propietarios y no a las localizaciones de distribuidoras de pienso, incubadoras o mataderos. Destacan sin embargo dos áreas con mayor concentración de explotaciones en la zona centro de Segovia y en el sur de Ávila. La ubicada en la zona centro de Segovia coincide con un área de alta densidad de gallinas industriales. Esto hecho, podría tener un riesgo implicado proveniente de una probable relación comercial entre ellas, que en algunos países se ha asociado con una mayor difusión de la enfermedad (Panigrahy *et al.* 2002; Garber *et al.*, 2007).

Dentro de los factores intrínsecos, la **susceptibilidad y bioseguridad** han sido incluidas como variables categorizadas en el modelo, y actúan modulando, para las especies diferentes a gallinas de autoconsumo. Por ello cobran una menor influencia en el modelo ya que apenas representan variación en un 5-12% de las explotaciones. Se han obtenido resultados interesantes que muestran que las provincias de Palencia, Valladolid y Zamora, presentan un mayor porcentaje de explotaciones de ACGA con susceptibilidad "Muy baja" correspondientes a las explotaciones de palomas, y que es en León, Zamora y Burgos donde encontramos el mayor número de explotaciones de ACGA de alta bioseguridad.

#### **6.4.A.2. Discusión de los factores de riesgo extrínsecos:**

---

En la ACGA, la mayoría del tipo de explotaciones de autoconsumo, permiten que las aves estén al aire libre, siendo más posible el contacto con aves silvestres, por ello en este modelo se han incluido factores de riesgo externos a las explotaciones.

Los resultados muestran que el factor de riesgo extrínseco "**proximidad a humedales de riesgo**" tiene una gran influencia en el modelo III. Los más de 500 brotes de IAAP H5N1 en aves acuáticas silvestres en Europa nos han permitido analizar en profundidad a través de un modelo de regresión logística (RL), las características de los humedales adyacentes a los brotes y determinar qué factores de riesgo nos pueden ayudar a identificar humedales riesgo para la ocurrencia de IAAP en aves silvestres.

Los resultados para el modelo de RL han identificado tres variables significativas para la identificación de humedales de riesgo para la ocurrencia de IAAP: mixosalinidad del agua, zona de importancia para aves acuáticas y zona forestal. La variable que más aporta al modelo de RL, es la combinación de los factores recombinados en una sola categoría con un OR de 8,96. Es decir, en aquellos humedales con agua mixosalina y que correspondan a un área de importancia para aves acuáticas, la oportunidad de que sea un humedal de riesgo para la difusión de IAAP es 8,96 veces superior. Este hecho sugiere que la presencia de aves susceptibles en unas condiciones medioambientales que favorezcan la supervivencia y transmisión del virus es un factor predictor del riesgo de un humedal en cuanto a la presencia en el de IAAP y por tanto su posible difusión a una granja cercana, directamente por contacto con las aves silvestres o indirectamente a través de fómites. La identificación de la

variable “**agua mixosalina**” se refiere a humedales de interior con una salinidad comprendida entre 0 y 30 g/L, y es un hallazgo que está acorde a estudios previos de otros autores (Brown *et al.*, 2007 y 2009; Nazir *et al.*, 2010, Domanska-Blicharz *et al.*, 2010) cuyos resultados experimentales muestran altas persistencias de los virus de IAAP en aguas mixosalinas y comparativamente, incluso una mayor persistencia que en las aguas dulces de la superficie de los lagos. La variable “**Zona forestal**” es la segunda variable influyente en la categorización de un humedal como de riesgo para la IAAP con un OR de 5,09. Esta afirmación, es consistente con los resultados hallados por Ward *et al.* (2008) en los brotes de IAAP H5N1 en Rumanía (2006-2007), que muestran que la presencia de vegetación, en un radio de 5 Km a los brotes, incrementa el riesgo de difusión 5 veces, y también con los resultados obtenidos por Si *et al.*, 2010, en los que se asocia el índice de vegetación con los brotes ocurridos en Europa.

El análisis de sensibilidad del Modelo III muestra que la **temperatura** es ocupa el tercer lugar en cuanto a influencia en el resultado final. La introducción en el modelo de las temperaturas mensuales, nos ha permitido ajustar el riesgo de supervivencia del virus a cada época del año para conseguir unos resultados más precisos y ver la oscilación anual en la región de CyL. Los máximos valores de supervivencia se han obtenido en León en Enero y Diciembre, seguidos de Segovia en los mismos meses, estos resultados son coherentes con el estudio de Si *et al.*, 2010 de los brotes en aves silvestres en Europa, en el que se identifica diciembre como el mes más asociado a la probabilidad de brote.

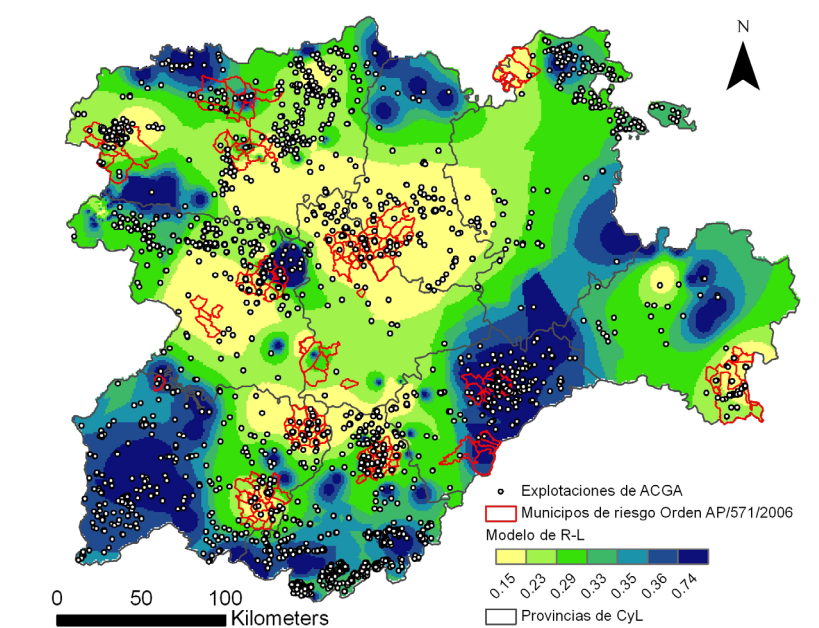
Es bien conocida la sensibilidad del virus de la IA a las altas temperaturas (Stallknecht y Brown, 2009), así como su alta resistencia a bajas temperaturas, lo que ha llevado a sugerir que los lagos helados pueden ser el origen anual de la enfermedad, al mantenerse el virus activo en ellos (Webster, 1992; Stallknecht *et al.*, 2010). Esta particularidad es de vital importancia para un país como España cuya temperatura media desde Mayo hasta Octubre supera los 20°, que es una de las temperaturas decisivas en las que el virus empieza a tener un declive en su supervivencia en el medio (Paek *et al.*, 2010). Un ejemplo claro del papel que han podido jugar estas temperaturas en España, es Doñana. En estas importantes marismas del sur de país, se reciben anualmente más de 400.000 anátidas de 360 especies diferentes, que alcanzan las cifras de más de 6 millones de aves durante los periodos de migración (Birdlife, 2010). Durante los brotes en Europa de IAAP H5N1 entre 2005 y 2006, Doñana fue uno de los puntos de mira de todos los países europeos, y se realizaron numerosos muestreos de vigilancia activa y pasiva en toda la zona, realizándose análisis a más de 33.000 aves desde octubre de 2005 hasta junio de 2007, resultando todos ellos negativos (Junta de Andalucía, 2007). Una de las hipótesis que se puede barajar, es la influencia de las temperaturas de la zona en la supervivencia del virus, así como las largas exposiciones a la luz solar (Songserm *et al.*, 2006), imposibilitando su permanencia en el agua, y por tanto su transmisión en caso de la llegada de algún ave enferma (Iglesias *et al.*, 2009). Esta misma hipótesis pero enfocada al riesgo de las zonas más frías, podría aplicarse en cierta medida a los brotes de Salburúa y Almoguera, no se pretende decir que si hay altas

temperaturas no existe el riesgo de que la enfermedad esté presente, pero sí que es un factor de protección, así como las horas de exposición solar (Songserm *et al.*, 2006).

#### 6.4.B. Resultado general de la zonificación del Modelo III:

Los resultados obtenidos muestran que la provincia de Segovia, en concreto el área central, presenta el mayor riesgo de difusión. Este área ha sido identificada como la agrupación de máximo riesgo de manera anual, y también de manera espaciotemporal en el mes de diciembre (Cluster 1). El cálculo estadístico espaciotemporal nos define una superficie de 436Km<sup>2</sup> con bajas temperaturas y la existencia de humedales de riesgo, así como alta concentración de explotaciones, un censo elevado (dentro de los valores estándar de este tipo de granjas), una baja bioseguridad y especies de alta susceptibilidad (como patos y gansos). Es importante destacar que el valor medio de riesgo durante todo el año en la provincia de Segovia, presenta valores superiores a los valores máximos de riesgo anuales de las provincias de Burgos, Palencia, Salamanca, Soria, Valladolid y Zamora. La segunda área de mayor riesgo, se localiza en Ávila, en la zona sur de la provincia. Es una superficie de 2.343 Km<sup>2</sup>, clasificada como de alto riesgo durante todo el año, con especial importancia en el periodo comprendido de noviembre a marzo y con un pico máximo en el mes de Diciembre. Es un área con bajas temperaturas y presencia de humedales de riesgo, así como una elevada concentración de explotaciones, una baja bioseguridad, y presencia de explotaciones de diferentes especies, entre ellas de alta susceptibilidad (como patos y gansos). Estos resultados sugieren que en una hipotética situación de falta de recursos para su aplicación en la vigilancia avícola en explotaciones de ACGA, estas dos zonas deberían ser prioritarias.

Los humedales de mayor riesgo en CyL identificados por el modelo de RL se encuentran en las lagunas de Villafáfila. Estas lagunas, situadas en Zamora, tienen agua de cierta salinidad, y son muy importantes como zona de invernada de Anser Común (hasta 34.183 individuos anualmente), aunque también acoge a muchas otras aves acuáticas cada año (SEO, 2010) y a otras aves no acuáticas asociadas al humedal. Estas lagunas se incluyen en las 15 “Zonas de especial vigilancia” en materia de Influenza Aviar en CyL (municipios en rojo en la **Figura 103**) en virtud de la Orden APA/571/2006, de 2 de marzo en el plan de vigilancia enfocado a aves silvestres. Este plan considera la existencia de datos sobre concentraciones de aves silvestres, una densidad elevada de explotaciones de aves de corral y la imposibilidad de evitar el contacto entre ambas. El modelo de RL ha identificado 10 de estas 15 zonas, áreas con el valor máximo de riesgo (En azul oscuro en la **Figura 103**), e incorpora 4 zonas más según la localización de los humedales de riesgo y en función de la localización de las explotaciones de ACGA, incrementando la información necesaria para completar dicho plan de vigilancia. Estas zonas nuevas son: la zona norte de Burgos, zona noroeste de León, zona centro suroeste de Salamanca y zona sur de Ávila.



**Figura 103. Modelo de identificación de los humedales de riesgo interpolado a toda la superficie de CyL y comparado con las zonas de municipios de riesgo de la Orden AP/571/2006 (En rojo). Elaboración propia.**

El hecho de que en España no se hayan sufrido brotes con difusión de la IAAP, impide comprobar si los modelos desarrollados concordarían con una epidemia en caso de producirse. El único brote en aves domésticas en España, ocurrido en octubre del 2009 en gallinas ponedoras en la provincia de Guadalajara, tiene un posible origen en aves silvestres. Un grave fallo en la bioseguridad de la explotación a nivel individual es la hipótesis que podría barajarse sobre la entrada del virus, que se habría producido a través de fómites infectados presumiblemente con virus de aves silvestres del embalse cercano a la explotación afectada. En este marco, la validación del modelo de identificación de humedales de riesgo si ha podido comprobarse, ya que el estudio del humedal a través del modelo de RL mostró un altísimo riesgo relativo para dicho humedal (Iglesias *et al.*, 2010e), permitiendo concluir que la vigilancia de dichos humedales de riesgo podría ser incluida como mejora en los planes de vigilancia y control vigentes.

#### 6.4.C. Discusión de la metodología empleada en el modelo III

La unificación de los factores identificados para la difusión de la IAAP en explotaciones de ACGA, se ha realizado mediante la aplicación de técnicas de Evaluación Multicriterio (EMC). Este método ha sido el empleado en la elaboración de los 2 modelos de zonificación (Modelos I y III). Como se ha desarrollado en la discusión del Modelo I, la EMC, ha sido utilizada con éxito en otros estudios epidemiológicos para entrada y difusión de la IAAP. En el caso del Modelo III, la unificación de las capas se ha mejorado mediante la formulación matemática elaborada a partir de los resultados de la RL de los factores de riesgo de los humedales, de la interpolación de las temperaturas de supervivencia del virus

en el medio externo, y a través del producto de los factores de riesgo propios de cada una de las explotaciones.

**El análisis espaciotemporal** de las zonas de riesgo identificadas por el modelo, elaborado mediante el método estadístico de escaneo espacial de Kulldorff, incrementa la precisión del resultado final, ya que contrarresta un resultado estático anual, al identificar las áreas y los periodos de un mayor riesgo de difusión a partir de los diferentes valores de riesgo obtenidos a lo largo de un año. El uso del estadístico de escaneo espaciotemporal de Kulldorff, se inicio en 1995 para detectar agrupaciones o clusters de casos de leucemia en personas en el norte de Nueva York (Kulldorff y Nagarwalla, 1995, Kulldorf, 1997), y desde entonces se ha empleado en numerosas ocasiones para diferentes enfermedades humanas (Pfeiffer *et al.* 2008). En sanidad veterinaria también ha sido aplicado en múltiples trabajos orientados tanto a ganadería (Pfeiffer *et al.* 2008): sarna psoróptica en ovejas (Falconi *et al.*, 2002), tuberculosis bovina (Pérez *et al.*, 2002; Olea-Popelka *et al.*, 2003; Olea-Popelka *et al.*, 2005), ESB (Stevenson *et al.*, 2000; Abrial *et al.*, 2003); como a enfermedades en vida silvestre (Pfeiffer *et al.*, 2008): plaga selvática en coyotes (Hoar *et al.* 2003), toxoplasma en nutrias marinas (Miller *et al.*, 2002 y 2004a), e IAAP H5N1 en aves domésticas y silvestres en Europa (Ward *et al.*, 2008; Iglesias *et al.*, 2010bc).

Como se ha descrito en material y métodos, los movimientos comerciales de aves vivas no han podido ser incluidos en la metodología del Modelo III. Este factor de riesgo de difusión, que indudablemente seria de gran utilidad, y que debería estar incluida en futuros análisis, no ha podido ser cuantificado debido a los escasos datos existentes de movimientos de aves vivas en avicultura complementaria y fundamentalmente en gallinas de autoconsumo, cuyo análisis llevaría a unos resultados y conclusiones poco acordes con el escenario real de movimientos.

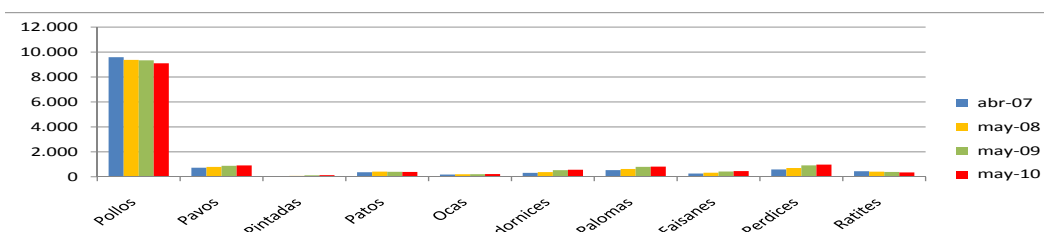
#### 6.4.D. Aplicabilidad del modelo III

La implicación de la avicultura de autoconsumo en la difusión de la IAAP ha sido considerada por diversos autores como Gall-Recule' *et al.*, 2008; Lee *et al.*, 2008; Sedyaningsih *et al.*, 2007; Gilbert *et al.*, 2006; Ducatez *et al.*, 2006; Saad *et al.*, 2007. Si bien en la epidemia de IAAP en Italia entre 1999-2000, el papel de la aves de corral fue importante (Capua *et al.*, 2000), en el caso de la epidemia de Holanda, se consideró que las gallinas de autoconsumo jugaron un papel marginal en la difusión de la epidemia (Banvick, 2009, Stegeman *et al.*, 2010), y que el sacrificio masivo, que también se produjo en este sector, fue desproporcionado. Por un lado, la avicultura de autoconsumo al tener censos menores presenta una menor probabilidad de tener animales infectados, y su contacto con la avicultura industrial es mínimo, y por otro lado sin embargo, las medidas de bioseguridad son menores, y su contacto con aves silvestres es más probable. Por ello, Cecchinato *et al.* 2010

sugiere que podrían ser el puente entre aves silvestres y aves domésticas industriales, y que la vigilancia de los distribuidores de este sector es muy importante.

La evolución de la industria aviar ha impulsado el sector industrial en CyL de una manera extraordinaria en los últimos 15 años, sin embargo, hay que destacar, que aunque el censo de ACGA no supera el 1% del censo avícola total de CyL, la avicultura de autoconsumo ha sido de manera tradicional importante en la economía familiar rural de CyL gracias a su producción de huevos para consumo propio, y este hecho queda patente aún en el elevado número de granjas de estas características que permanecen activas. Por otro lado, se está observando un incremento del número de explotaciones de avicultura alternativa, que en los últimos años (2007-2010) esta experimentando una evolución favorable, en concreto en pavos, codornices, palomas faisanes y perdices (**Figura 104**).

El modelo de riesgo de difusión en ACGA desarrollado es una herramienta de fácil aplicación y de utilidad para los servicios sanitarios veterinarios, ya que permite identificar las áreas y periodos de mayor riesgo para la difusión de la IAAP en ACGA, que como se ha comentado tiene una importancia tradicional y un futuro favorable a largo plazo en CyL. Curiosamente, y a pesar de la simplicidad del modelo, el sistema se puede ajustar fácilmente para focalizar los esfuerzos de vigilancia sólo a aquellas zonas de mayor riesgo, ayudando a reducir los costes en casos de reducciones necesarias de los mismos. Así mismo, se ha podido comprobar que las técnicas espaciotemporales de detección de clusters son de gran utilidad en la localización de manera precisa de las áreas y momentos de mayor riesgo de difusión de la IAAP.

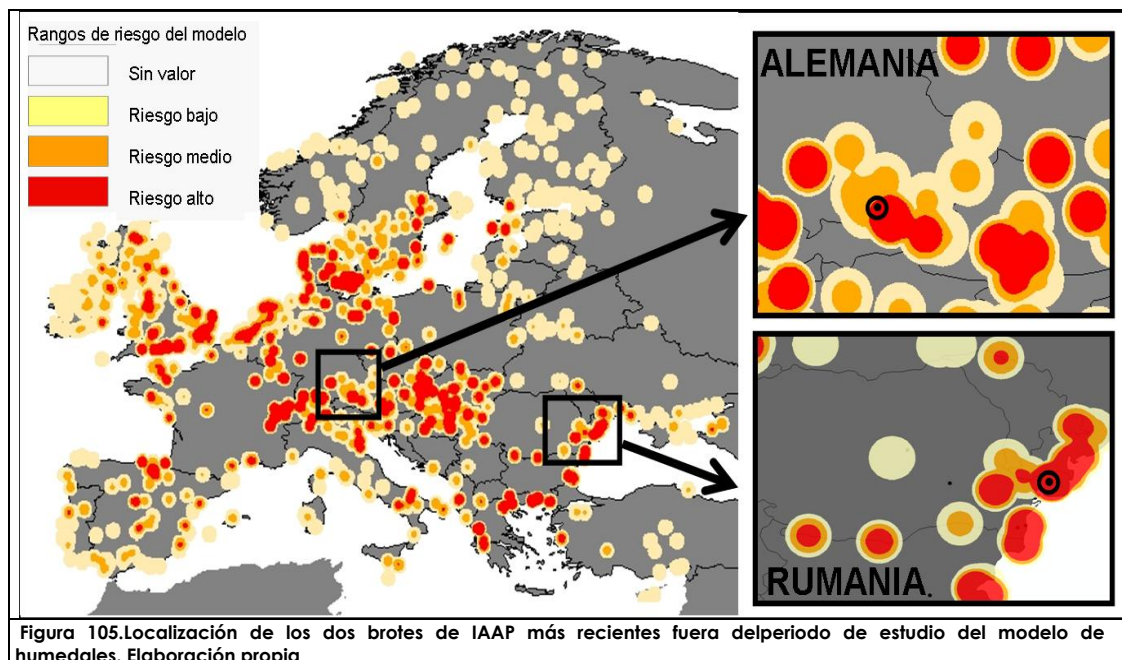


**Figura 104. Número de explotaciones en función de la especie avícola y su evolución en los últimos cuatro años. Elaboración propia a partir de datos del REGA (MARM, 2010c)**

Adicionalmente, el estudio de los factores extrínsecos a las explotaciones ha permitido el desarrollo de un modelo de identificación de humedales de riesgo para la IAAP. El modelo generado en el marco de la UE para poder analizar el mayor número de humedales posibles afectados con brotes de la enfermedad, permite extrapolar conclusiones para futuras epidemias. Para comprobar esta hipótesis, se han estudiado las localizaciones de los dos brotes notificados con posterioridad a Enero del 2009 (fecha del último brote de IAAP utilizado para la elaboración del modelo) en la UE, uno en aves silvestres en Alemania en Abril del 2009 (OIE ,2010) y otro en avesdomésticas de autoconsumo con origen en aves silvestres (en Rumania en Abril del 2010(OIE ,2010). Ambos brotes se localizan en áreas que el modelo define como de alto riesgo (**Figura 105**), pudiendo considerarse que se ha obtenido un modelo con una buena capacidad de identificación de zonas de riesgo. Por ello, aunque



no es un modelo predictivo porque se ha generado a partir de las condiciones existentes en el momento concreto del periodo de estudio, asumiendo que dichas condiciones podrían persistir, es plausible su uso para la identificación de humedales de riesgo de ocurrencia y por lo tanto de difusión de la IAAP.



## 6.5. Discusión sobre la aplicabilidad de los modelos

Como se ha ido desarrollando a lo largo de todo el documento, el objetivo del mismo era la elaboración de un modelo de riesgo de la difusión de la IAAP en España, de manera diferenciada para los diferentes escenarios avícolas, con el fin de obtener una herramienta y unos resultados útiles y aplicables para la prevención y el control de la difusión de las enfermedades avícolas en nuestro país. El diseño de un modelo capaz de identificar puntos críticos de riesgo para prevenir una infección es el objetivo básico de cualquier análisis de riesgo, y creemos que ha sido logrado en el ejercicio de los modelos en ACGA y gallinas industriales que nos han permitido:

1. Identificar áreas de riesgo para el sector de gallinas industriales
2. Identificar las medidas de contención más adecuadas en función de los resultados
3. Evaluar las consecuencias de una epidemia en las diferentes zonas de riesgo.
4. Identificar los humedales de riesgo basados en características medioambientales
5. Identificar áreas de riesgo de difusión para el sector de ACGA

Este tipo de aplicaciones son de gran interés para los servicios veterinarios, ya que, el desarrollo de modelos de zonificación y simulación adecuados para la vigilancia de la difusión orientados al ajuste de los esfuerzos de los muestreos de vigilancia, con el fin de reflejar el verdadero riesgo para la enfermedad, es un requisito previo que permite aumentar la precisión de los sistemas de vigilancia. Estas mejoras permiten evitar que haya incursiones de la enfermedad y realizar detecciones tempranas de los brotes, además de suponer un importante ahorro económico en cuanto a costes de una epidemia, ayudando a resaltar la imagen de alta calidad sanitaria y de estado libre de enfermedades de un país (Baldock, 1998), tan importante de cara a la economía exterior y al consumo de los productos que oferta una nación.

La calidad de los datos de explotaciones utilizados en el modelo, gracias a la colaboración de la Dirección General de Ganadería de CyL, ha sido una de las herramientas más fuertes en la elaboración del mismo ya que ha permitido tener la ubicación exacta de cada explotación con las características de las mismas en cada modelo. Es importante resaltar este hecho porque gran parte de los modelos que se realizan tienen condicionada su ejecución a la unidad administrativa regionales en la cual se suministran los datos, obligando a utilizar datos que generalizan lo que ocurre en dichas áreas. Sin embargo el estudio espacial de superficies continuas (raster) que se ha utilizado en los modelos elaborados, ha permitido identificar celda a celda el valor de cada zona, permitiéndonos visualizar el mosaico del riesgo que se ha evaluado lo cual se traduce en un mayor ajuste del modelo a la realidad. Sin embargo, la mejora de los modelos debería ser llevado a cabo en futuras

investigaciones. Para ello, a pesar de la alta calidad de los datos, la ausencia de determinada información debería ser solventada mediante una ampliación de los datos y de la metodología que permitiera incorporar las siguientes mejoras:

1. Incorporación de los movimientos comerciales de aves vivas entre explotaciones y a matadero de varios años y con una mayor información de los mismos: Como se ha comentado, sólo existen registros de movimientos de los últimos 2 años, por tanto una mejora sería la ampliación de esta información conforme se vayan ampliando los registros actuales, ya que es de esperar que los contactos puedan modificarse a lo largo de los años. También sería interesante incluir una ampliación de cada uno de los datos de movimientos con la incorporación de información acerca del número de personal implicado en el movimiento y de otros movimientos como son la entrada de piensos. La aplicación de estos análisis de movimientos en otras enfermedades, también deberían incluir determinados ajustes en función de la enfermedad, ya que en enfermedades como campilobacteriosis o asociadas a contaminantes serían más relevantes por ejemplo los movimientos de piensos, en enfermedades parasitarias los fomites desarrollarían un gran papel, etc...
2. Introducción de información acerca de la integración del sector: Al ser datos de privacidad comercial no han podido ser incluidos en los modelos, sin embargo, aportarían mucha información acerca de la conexión entre diferentes explotaciones y mataderos. El riesgo de difusión entre explotaciones de una misma integradora es 5 veces superior que entre explotaciones de diferentes integradoras (Leibler *et al.*, 2010). Habitualmente, y aunque no existen contratos unificados, una integradora suministra pollitos, piensos, y la retirada de aves a cada una de las explotaciones integradas. A cambio, el avicultor aparte de cumplir con las normas de la empresa, proporciona la nave, equipos, trabajo, gastos de crianza, recogida de animales o huevos y unas tasas de retribución, que están alrededor de 120 euros/1000 pollos (Cepero, 2006). Con estos datos, es lógico pensar, que si una explotación de una integradora se infectara, incrementaría el riesgo del resto de las explotaciones de la integradora ya que comparten suministro sanitario, alimenticio y de material. Este patrón de integración añadido a los modelos realizados permitiría identificar contactos inter e intra-integraciones aumentando la precisión del patrón de contactos del modelo.
3. Desarrollo de encuestas de bioseguridad específicas para la enfermedad de estudio y disponible para todas las explotaciones del estudio.
4. Estudio de las entradas y salidas de personal en cada explotación
5. Desarrollo de un estudio de redes que incluya las rutas de los camiones de aves.
6. Incluir factores externos en los Modelos I y II: Los modelos I y II elaborados en gallinas industriales han sido restringidos a difusiones sólo dentro del sector, debido a las restricciones de los programas utilizados. Aunque esta difusión es la más importantes

en la avicultura industrial, ya que las mayores asociaciones de contactos entre silvestres y domésticas solo se han observado en aves de corral o avicultura complementaria (De Nardi *et al.*, 2005). Una posible mejora de los modelos I y II sería incluir otras vías de difusión que combinaran la avicultura industrial de gallinas y las explotaciones de ACGA de nuestro país, aunque, lógicamente, se introducirían con un peso de riesgo de difusión muy modulado por la bioseguridad de cada explotación.

7. Validación del modelo mediante datos reales de una epidemia en un marco similar al de España: La vigilancia de las enfermedades infecciosas siempre va asociada al grado de incertidumbre, en el que nos adentramos cuando realizamos modelos que pretenden predecir dónde y cuando va a tener lugar una incursión de la enfermedad. En un segundo plano de incertidumbres, se intenta descifrar qué tipo de medidas se deberían adoptar para que el control fuera lo más eficiente posible tanto sanitaria como económicamente (Lockhart, 2008). Los modelos realizados en este estudio, no han podido ser validados en su totalidad ya que no se ha producido en España una epidemia de la IAAP, con la salvedad del modelo de RL aplicado al análisis de riesgo de humedales que sí ha podido ser aplicado y validado en España y en Europa, pero no los modelos completos en aves domésticas. Por ello, quizá en un primer paso se debería extrapolar el modelo a un país similar al nuestro, como podría ser Italia, en un sector avícola similar a ambos países, como es el de broilers, e identificar las zonas de mayor riesgo. El estudio de los diversos análisis espaciales que han realizado en esta zona norte de Italia, y que se han citado a lo largo de todo el documento, permite pensar que serían resultados acordes con los modelos realizados.

Una de las ventajas de la aplicación del modelo a una región determinada, es que ha permitido definir de manera muy amplia parámetros muy concretos. Así, por ejemplo, para la elaboración del riesgo de humedales, se han recopilado de manera exhaustiva los datos de todos los humedales existentes en CyL para los cuales se disponen de información, se ha consultado a expertos en la zona acerca de las aves silvestres y domésticas para perfilar las estimaciones de los modelos, etc. Por otra parte ha proporcionado la facilidad de trabajar con una "n" de explotaciones menor, lo que ha permitido ajustar el modelo estocástico simulando las epidemias con un origen en todas las explotaciones de estudio, permitiéndonos reducir la incertidumbre procedente de un estudio de cohorte en su grado máximo. De esta manera se ha puesto a punto el modelo, permitiendo ajustar los parámetros al máximo para una futura aplicación a nivel nacional. La aplicabilidad del modelo a otras zonas de España sería posible, siempre que se dispusiera de la información necesaria para la alimentación del modelo.

La aplicabilidad del modelo desarrollado, podría ampliarse para su utilización en el estudio de la difusión de otras enfermedades aviares mediante la variación de los parámetros que difieren en otras enfermedades **Tabla 51**.

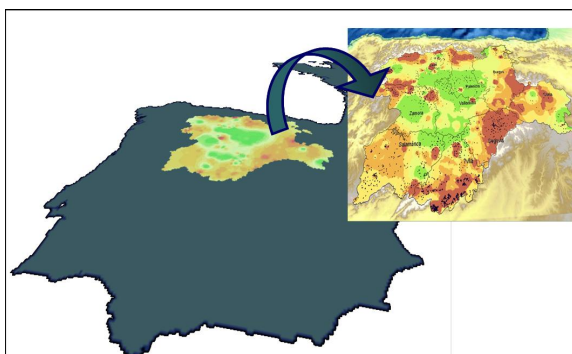
Modelo	Parámetro	Tipo de dato	Variación en otras enfermedades
Modelos I, II Modelo I y III	Movimientos	Datos reales	No
	Bioseguridad	Encuestas y estimaciones	No
	Tipo	Datos reales	No
	Censo	Datos reales	No
	Densidad	Datos reales	No
Modelo II	Difusión local	Datos estimados y de campo	Si
	Bioseguridad	Encuestas y estimaciones	No
	Infectividad	Datos experimentales y de campo	Si
	Difusión dentro de la granja	Datos experimentales y de campo	Si
	Zona de protección y vigilancia	Datos reales	No varían salvo en enfermedades vectoriales
	Detección	Estimación	Si
	Recursos	Datos reales	No
	Vacunación	Datos reales	Si
	Cercanía a humedales	Estimación mediante estudio retrospectivo de regresión logística	Si
	Temperatura	Datos experimentales y de campo	Si
Modelo III (ACGA)			

**Tabla 51. Parámetros de los modelos desarrollados que deberían ser modificados en el caso de su aplicación para el estudio de la difusión en otras enfermedades aviares.**

Una de las aplicaciones que podría cubrir la modelización del riesgo de difusión, al margen de las mejoras de los planes de vigilancia y control, sería su utilización para la orientación en cuanto a la implantación de nuevas explotaciones avícolas en función del riesgo definido. Pudiendo producirse a largo plazo una recolocación avícola más homogénea, que implicaría un menor riesgo de difusión en la zona. En el norte de Italia en los últimos 20 años, se ha producido un gran aumento del número de explotaciones de aves, y establecimientos asociados, de una manera irracional y sin planificación. Este hecho, sumado a que las granjas cercanas comparten material, vehículos y muchas veces las medidas básicas de bioseguridad no se practican, ha podido ser una de las causas principales de la devastadora epidemia de IAAP en 1999-2000 (Capua y Marangon, 2000). Las medidas de contención de una explotación, o bioseguridad, son la piedra angular de la protección frente a las enfermedades, ya que la difusión de una enfermedad, no sería posible si se encontrara con barreras de bioseguridad suficientes. Sin embargo, la bioseguridad tiene un coste, y en algunos casos, sobre todo si nos referimos a explotaciones más pequeñas, su implantación al 100% es imposible (McLeod, 2010). Por lo tanto hay que encontrar el equilibrio entre una bioseguridad máxima compatible con el beneficio de producción. Una recolocación avícola más homogénea que redujera el riesgo de difusión podría permitir ajustar determinadas medidas de control y bioseguridad que encarecen el coste de producción.

Por último, se debe resaltar la aplicabilidad del modelo desarrollado en materia formativa. Esto se debe a que una vez adoptado un plan de contingencia, debe ser puesto a disposición del personal implicado en su elaboración y puesta en marcha, intentando que a lo largo de toda la cadena del mecanismo de aplicación, la información llegue de la manera más accesible, práctica y visual, a ser posible de manera electrónica, ya que una amplia difusión del plan garantiza que el personal asociado e interesado en el mismo, sea plenamente consciente de lo que se debe hacer para impedir la difusión de un brote (Westergaard *et al.*, 2008). Una de las aplicaciones de los modelos generados en este trabajo, es la información al personal de destino interesado en el sector visualización a través de los mapas de riesgo de difusión. Este tipo de mapas ofrecen una idea de las zonas identificadas

como de mayor riesgo "de un simple vistazo", cumpliendo con el objetivo final de una herramienta que pretende ser útil y aplicable, es decir transmitir la información con facilidad. Adicionalmente a los mapas generados, los modelos diseñados se han introducido en ArcGlobe, una extensión del programa ArcGis 9.3. que permite gracias a la tecnología 3D, una visualización muy sencilla de los modelos creados, en la cual el organismo competente que quiera aplicar el modelo y mostrarlo en las diferentes reuniones de coordinación del mismo, puede volar "a vista de pájaro" en los mapas de riesgo generados. Para ese fin, se han aplicado los mapas generados en soportes tridimensionales a los cuales se les ha aplicado como altura el riesgo obtenido en los modelos (**Figura 106**) y que pueden verse en formato audiovisual en el que se pueden consultarse las áreas de interés de una manera interactiva y muy sencilla que permite una visualización más real de los resultados en la propia región. Estas visualizaciones permitirían realizar actividades formativas tanto al personal sanitario para la ejecución de los diversos planes de vigilancia y control, como a los propietarios de las explotaciones para la concienciación por ejemplo del riesgo del contacto de las aves silvestres sobre las explotaciones domésticas, este tipo de actividades deberían ser parte de los objetivos perseguidos por los planes de contingencia (Muller *et al.*, 1999).



**Figura 106. Detalle de la aplicación 3D de los resultados obtenidos del riesgo de difusión de la IAAP en explotaciones de ACGA.**

Con los mismo objetivos educativos, el modelo III desarrollado a través de la simulación de las epidemias, permite visualizar una por una las iteraciones de cada una de las epidemias simuladas, en nuestro caso podríamos visualizar las 66.900 realizadas. Este tipo de visualizaciones, a nivel local son de gran utilidad porque muestran claramente el desarrollo de una epidemia mostrando simultáneamente cómo las granjas pasan del estado de infectadas, a detectadas y sacrificadas con un temporizador que indica el periodo de tiempo en el que transcurre la difusión (**Figura 107**). De tal manera que podrían visualizarse las 100 epidemias con una misma granja de origen para un mayor entendimiento de cómo evolucionaría una epidemia en las zonas concretas de las que se desea información.

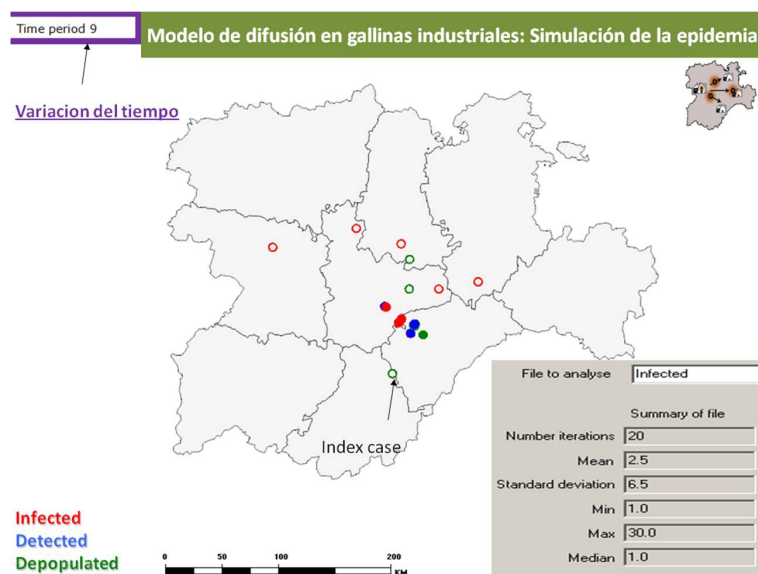


Figura 107. Detalle de la visualización de una de las simulaciones de una epidemia de IAAP en Cyl en gallinas industriales elaboradas mediante el programa IS+. Se muestra una epidemia en el día 9. Los puntos muestran las granjas infectadas (en rojo), detectadas (en azul) y sacrificadas (en verde).

## CONCLUSIONES

---





## **. CONCLUSIONES**

En este trabajo se ha realizado por primera vez un modelo detallado de la difusión de la IAAP en España. Este modelo se subdivide en tres escenarios para un mejor ajuste a la diversidad de la avicultura de nuestro país. Se han descrito los factores de riesgo asociados a la difusión de la IAAP y se han analizado los patrones de difusión de la enfermedad tomando como ejemplo la CA de CyL para su elaboración. Los resultados han identificado las áreas y periodos de mayor riesgo de difusión, analizando la dinámica de transmisión, evaluando las consecuencias de una epidemia e identificando los puntos críticos de las medidas de control y prevención de la difusión de la enfermedad. De tal manera que queda puesta a punto una herramienta de alta aplicabilidad y utilidad para la gestión sanitaria de la IAAP aplicable mediante los ajustes adecuados a otras regiones del país y a otras enfermedades aviares.

Los resultados obtenidos, permiten concluir que:

1. El modelo I de zonificación del riesgo de difusión en gallinas industriales, ha identificado como los factores de riesgo más influyentes los movimientos comerciales de aves vivas y la densidad de las explotaciones.
2. El modelo I, aplicado a las explotaciones de gallinas industriales de CyL, ha identificado que la probabilidad de difusión de la IAAP presenta unos valores superiores en la frontera entre Segovia y Valladolid, zona centro de León y norte de Valladolid.
3. El modelo II de simulación de la difusión de una epidemia en gallinas industriales, ha identificado que las explotaciones de gallinas reproductoras serían el tipo de explotaciones con un mayor número medio de granjas afectadas en el caso de una epidemia de IAAP, con una media de 4,5 y un máximo de 50 explotaciones afectadas. Las siguientes en riesgo son las incubadoras con una media de 4,5 y un máximo de 27. Las ponedoras y broilers tienen unos promedios inferiores de 1,93 y 1,69.
4. El modelo II ha identificado que el pico de difusión dentro de una epidemia de gallinas industriales se produciría entre el 2º y 3er día desde el inicio de la epidemia.
5. El modelo II ha identificado que la difusión local y movimientos comerciales de aves vivas entre explotaciones sería la primera causa de difusión en caso de un brote de IAAP en gallinas industriales.
6. El modelo II ha identificado que la disminución del tiempo de detección de la enfermedad reduce significativamente la difusión de la misma. El periodo más probable de detección dentro de una epidemia de gallinas industriales se produciría entre el 7º y 8º día desde el inicio de la epidemia en las condiciones de vigilancia

actuales del MARM. Su retraso al doble de tiempo (14-16 días) incrementaría la difusión en un 26%.

7. El modelo II ha identificado que el incremento de los radios de la zona de vigilancia y protección, establecidos alrededor de un brote permitiría una disminución del riesgo de difusión.
8. El modelo II ha identificado que en la zona identificada de Muy alto riesgo la **media de granjas infectadas** es superior en un 10, 30 y 40% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo respectivamente; y que **la media de duración de las epidemias** es superior en un 15, 32 y 46% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo respectivamente.
9. El modelo II ha identificado que en la zona identificada de Muy alto riesgo, las consecuencias como la **media de animales infectados** es superior en un 18%, 64% y 75% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo respectivamente; y que el promedio de granjas "vaciadas" en caso de una epidemia sería superior en dicha zona en un 5, 27 y 40% a las zonas de riesgo Alto, Medio y Bajo respectivamente.
10. El modelo III de zonificación del riesgo de difusión en avicultura complementaria y gallinas de autoconsumo ha identificado como los factores de riesgo más influyentes en este sector el censo de las explotaciones y la cercanía de las mismas a humedales de riesgo.
11. Dentro del Modelo III, se ha incluido un análisis de regresión logística, que ha identificado que las categorías Mixosalinidad, Zona de importancia de aves y Zona forestal, de humedales Ramsar, extrapolables a otros humedales, son factores de riesgo relevantes a la hora de categorizar un humedal en cuanto a su riesgo respecto a la IAAP, permitiéndonos sugerir que la utilización de estos criterios en la categorización de las áreas de especial vigilancia en los planes de vigilancia y control del MARM representarían una mejora para dichos planes.
12. El modelo III, aplicado a las explotaciones de avicultura complementaria y gallinas de autoconsumo de CyL, ha identificado que la probabilidad de difusión de la IAAP presenta unos valores superiores en la zona centro de Segovia, sur de Ávila, norte de Zamora y centro de León, siendo los humedales de más riesgo las lagunas de Villafáfila (Zamora) y el complejo lagunar de Cantalejo y que la probabilidad de difusión presenta unos valores superiores en los meses de Enero y diciembre.
13. La aplicación de los modelos desarrollados ayudaría a mejorar los planes de contingencia, optimizando la utilización de los recursos y los sistemas de vigilancia sanitaria de explotaciones aviares, mejorando el tiempo de detección de una potencial infección.

## BIBLIOGRAFÍA

---



## 8. BIBLIOGRAFÍA

- Abrial D., Calavas D., Lauvergne N., Morignat E., Ducrot C. 2003. Descriptive spatial analysis of BSE in western France. *Veterinary Research* 34:749–760.
- Alexander D. 2007. An overview of the epidemiology of avian influenza Vaccine. 25 (30): 5637-5644.
- Alexander D.J. y Brown I.H. 2009. History of highly pathogenic avian influenza. *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.* 28 (1):19-38.
- Alexander D.J., Capua I., y Koch G. 2008. Highly pathogenic avian influenza outbreaks in Europe, Asia and Africa since 1959, excluding the Asian H5N1 virus outbreaks. Chapter 9. In *Avian influenza* (D.E. Swayne, ed.). Blackwell Press, Ames, Iowa. 217-237.
- Alexander, DJ. 1995. The epidemiology and control of avian influenza and Newcastle disease. *J. Comp. Pathol.* 112:105–126.
- Alonso y Cornelles. 1988. Catálogo limnológico de las zonas húmedas esteparias de la cuenca del Duero. Junta de Castilla y León,
- Alphin RL., Ciaverelli CD., Hougentogler BP., Johnson KJ., Rankin MK., Benson ER. 2010. Post outbreak Disinfection of Mobile Equipment. *Avian diseases* 54:772–776.
- Ampliación del catálogo de zonas húmedas de Castilla y León: provincia de Ávila. Valladolid: Consejería de Medio Ambiente, 2000b.
- Ampliación del catálogo de zonas húmedas de Castilla y León: provincia de Burgos. Valladolid: Consejería de Medio Ambiente, 2000g.
- Ampliación del catálogo de zonas húmedas de Castilla y León: provincia de León. Valladolid: Consejería de Medio Ambiente, 2000c.
- Ampliación del catálogo de zonas húmedas de Castilla y León: provincia de Palencia. Valladolid: Consejería de Medio Ambiente, 2000i.
- Ampliación del catálogo de zonas húmedas de Castilla y León: provincia de Salamanca. Valladolid: Consejería de Medio Ambiente, 2000a.
- Ampliación del catálogo de zonas húmedas de Castilla y León: provincia de Segovia. Valladolid: Consejería de Medio Ambiente, 2000e.
- Ampliación del catálogo de zonas húmedas de Castilla y León: provincia de Soria. Valladolid: Consejería de Medio Ambiente, 2000f.
- Ampliación del catálogo de zonas húmedas de Castilla y León: provincia de Valladolid. Valladolid: Consejería de Medio Ambiente, 2000d.
- Ampliación del catálogo de zonas húmedas de Castilla y León: provincia de Zamora. Valladolid: Consejería de Medio Ambiente, 2000h.
- Antarasena C., Sirimujalin R., Prommuang P., Promkuntod N., Prommuang P., Blacksell S.D. 2007. The indirect immunofluorescence assay using cardiac tissue from chickens, quails and ducks for identification of influenza A virus during an outbreak of highly pathogenic avian influenza virus (H5N1): a rapid and simple screening tool for limited resource settings. *Res Vet Sci.* 83(2):279-281.
- Artois M., Bicout D., Doctrinal D., Fouchier R., Gavier-Widen D., Globig A., Hagemeijer W., Mundkur T., Munster V., Olsen B. 2009 Outbreaks of highly pathogenic avian influenza in Europe: the risks associated with wild birds. *Rev Sci Tech.* 28(1):69-92.

- AUSVETPLAN 2007. Disease strategy: Avian influenza Australian Veterinary Emergency Plan (AUSVETPLAN) Primary Industries Ministerial Council, Canberra, ACT
- Bai G., Sakoda Y., Mweene AS., Kishida N., Yamada T., Minakawa H., Kida H. 2005. Evaluation of the ESPLINE INFLUENZA A&B-N Kit for the diagnosis of avian and swine influenza. *Microbiol. Immunol.* 49(12):1063-1067.
- BANCO MUNDIAL. 2009. UNSIC/World Bank. Responses to avian influenza and state of pandemic readiness. Fourth Global Progress Report; Disponible en <http://siteresources.worldbank.org/EXTAVIANFLU/>. Último acceso Septiembre 2010.
- Barbazan P., Thitithanyanont A., Missé D., Dubot A., Bosc P., Luangsri N., Gonzalez JP, Kittayapong P. 2008. Detection of H5N1 avian influenza virus from mosquitoes collected in an infected poultry farm in Thailand. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 8(1):105-109.
- Beard CW., Brugh M., Johnson D. 1984. Laboratory studies with the Pennsylvanian avian influenza virus (H5N2). *Proceedings of the 88th annual conference of the United States Animal Health Association.* 462-473.
- Beato MS., Capua I., Dennis J.A. 2009. Avian influenza viruses in poultry products: a review. *Avian Pathology.* 38(3):193-200.
- Becker W.B. 1966. The isolation and classification of ternvirus: influenza A-tern-South Africa 1961. *J. Hyg. Lond.* 64 (3):309-320.
- Benedictis P., Beato MS., Capua I. 2007. Inactivation of Avian Influenza Viruses by Chemical Agents and Physical Conditions: A Review. *Zoonoses Public Health.* 54: 51-68.
- Bioseguridad en avicultura. Real Escuela de avicultura, 2009.
- BirdLife International: Important Bird Area fact sheet: Marismas del Guadalquivir. España. 2010. Descargado de <http://www.birdlife.org/datazone/sites/>. Último acceso Julio .
- Boender G., Hagenars T., Bouma A., Nodelijk G., Elbers A., de Jong MC., Boven. M. 2007b. Risk Maps for the Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza in Poultry. *PLoS Comput Biol* 3(4): e71. doi:10.1371/journal.pcbi.0030071.
- Boender GJ., Meester R., Gies E., De Jong MC. 2007a. The local threshold for geographical spread of infectious diseases between farms. *Preventive Veterinary Medicine.* 82(1-2): 90-101.
- Boklund A., Goldbach S., Uttenthal A., Alban L. 2008. Simulating the spread of classical swine fever virus between a hypothetical wildboar population and domestic pig herds in Denmark. *Preventive Veterinary Medicine.* 85(3-4):187-206.
- Boon A.C., Sandbulte M.R., Seiler P., Webby R.J., Songserm T., Guan Y., Webster R.G. 2007. Role of terrestrial wild birds in ecology of influenza A virus (H5N1). *Emerging Infectious Diseases.* 13:1720-1724.
- Bouma A., Claassen I., Natih K., Klinkenberg D., Donnelly C., Koch G., van Boven M. 2009. Estimation of Transmission Parameters of H5N1 Avian Influenza Virus in Chickens. *PLoS Pathog* 5(1): e1000281. doi:10.1371/journal.ppat.1000281
- Bouma A., Claassen I., Natih K., Klinkenberg D., Donnelly CA. Guus K., van Boven M. 2009. Estimation of Transmission Parameters of H5N1 Avian Influenza Virus in Chickens. *PLoS Pathog* 5(1): e1000281. doi:10.1371/journal.ppat.1000281.
- Bowes VA., Ritchie SJ., Byrne S., Sojony K., J. Bidulka J., Robinson J. H. 2004. Virus Characterization, Clinical Presentation, and Pathology Associated with H7N3 Avian Influenza in British Columbia Broiler Breeder Chickens in 2004. *Avian Diseases.* 48(4):928-934.
- Boyce WM., Sandrock C., Kreuder-Johnson C., Kelly T., Cardona C. 2009. Avian influenza viruses in wild birds: a moving target. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis.* 32(4):275-86.
- Brown J.D., Stallknecht D.E., Beck J.R., Suarez D.L., Swayne D.E. 2006. Susceptibility of North American ducks and gulls to H5N1 highly pathogenic avian influenza viruses. *Emerging Infectious Diseases.* 12:1663-1670.

- Brown J.D., Stallknecht D.E., Swayne D.E. 2008a. Experimental infection of swans and geese with highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) of Asian lineage. *Emerging Infectious Diseases*. 14:136-142.
- Brown JD., Goekjian G., Poulson R., Valeika S., Stallknecht DE. 2009. Avian influenza virus in water: Infectivity is dependent on pH, salinity and temperature. *Veterinary Microbiology*. 136:20-26.
- Brown JD., Stallknecht DE., Swayne DE. 2008b. Experimental infections of herring gulls (*Larus argentatus*) with H5N1 highly pathogenic avian influenza viruses by intranasal inoculation of virus and ingestion of virus-infected chicken meat. *Avian Pathology*. 37(4):393-397.
- Brown JD., Swayne DE., Cooper RJ., Burns RE., Stallknecht DE. 2007. Persistence of H5 and H7 avian influenza viruses in water. *Avian Diseases*. 51(1 Suppl):285-289.
- Busani L., Valsecchi MG., Rossi E., Toson M., Ferrè N., Pozza M., Marangon S. 2009. Risk factors for highly pathogenic H7N1 avian influenza virus infection in poultry during the 1999-2000 epidemic in Italy. *Vet J*. 181(2):171-177.
- Campitelli L., Mogavero E., De Marco MA., Delogu M., Puzelli S., Frezza F., Facchinni M., Chiapponi C., Foni E., Cordioli P., Webby R., Barigazzi G., Webster RG., Donatelli I. 2004 Interspecies transmission of an H7N3 influenza virus from wild birds to intensively reared domestic poultry in Italy. *Virology*. 323(1):24-36.
- Capua I. y Alexander DJ. 2004. Avian influenza: recent developments. *Avian Pathology*. 33(4):393-400.
- Capua I. y Marangon S. 2000. Review article: The avian influenza epidemic in Italy, 1999-2000. *Avian Pathology*. 29: 289-294.
- Capua I. y Mutinelli F. 2001. Mortality in Muscovy ducks (*Cairina moschata*) and domestic geese (*Anser anser* var. *domestica*) associated with natural infection with a highly pathogenic avian influenza virus of H7N1 subtype. *Avian Pathology*. 30(2):179-183.
- Capua I., Cattoli G., Terregino C., Marangon S. 2008. Avian influenza in Italy 1997-2006. In: *Avian influenza*, vol. 27. H. D. Klenk, M.N. Matrosovich, and J. Stech, eds. Monogr. Virol. Karger, Basel. pp. 59-70. 2008.
- Capua I., Mutinelli F., Dalla Pozza M., Donatelli I., Puzelli S., Cancellotti FM. 2002. The 1999-2000 avian influenza (H7N1) epidemics in Italy: veterinary and human health implications. *Acta Tropical*. 83(1):7-11.
- Cardona CJ., Xing Z., Sandrock CE., Davis CE. 2009. Avian influenza in birds and animals. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*. 32(4):255-273.
- Catálogo de zonas húmedas de Castilla y León (1993) publicado
- Catálogo de zonas húmedas de Castilla y León. Valladolid: Consejería de Medio Ambiente y Ordenación del Territorio, 1993. Decreto 194/1994, de 25 de agosto, y se aprueba el Catálogo de Zonas húmedas de Interés Especial. (BOCyLnº80, de 31/08/1994).
- Cecchinato M., Ceolin C., Busani L., Dalla Pozza M., Terregino C., Moreno E., Bonfanti A., Marangon S. 2010. Low Pathogenicity Avian Influenza in Italy During 2007 and 2008. : *Epidemiology and Control. Avian diseases*. 54:323-328.
- Cepero R. 2006. El sector de la carne de ave: claves para el siglo XXI. Comunicación Oral en el congreso de Futuravic 2006.
- CFSPH. The center for food security and public health. 2010. HPAI Laboratory diagnosis. Disponible en [http://www.cfsph.iastate.edu/HPAI/hpai\\_lab\\_video\\_list.htm](http://www.cfsph.iastate.edu/HPAI/hpai_lab_video_list.htm). Último acceso Julio 2010.
- Chasco MC. Econometría espacial aplicada a la predicción-extrapolación de datos microterritoriales. Tesis doctoral. 2003.
- Chduero. 2009. Confederación Hidrográfica del Duero. Datos disponibles en <http://www.chduero.es>. Último acceso Octubre 2010.



- Chen H., Deng G., Li Z., Tian G., Li Y., Jiao P., Zhang L., Liu Z., Webster R. G., Yu K. 2004. The evolution of H5N1 influenza viruses in ducks in southern China. *PNAS*. 101(28):10452-10457.
- Chen H., Li Y., Li Z., Shi J., Shinya K., Deng G., Qi Q., Tian G. 2006b. Properties and dissemination of H5N1 viruses isolated during an influenza outbreak in migratory waterfowl in Western China. *J. Virol.* 80:5976-5983.
- Chen H., Smith G.J.D., Li K.S., Wang J., Fan X.H., Rayner J.M., Vijaykrishna Z., Zhang L.J., Guo C.T., Cheung C.L., Xu K.M., Duan L., Huang K., Qin K., Leung Y.H.C., Wu W.L., Lu H.R. Chen Y., Xia N.S. Naipospos T.S.P., Yuen K.Y., Hassan S.S., Bahri S., Nguyen, T.D., Webster R.G., Peiris J.S.M., Guan Y. 2006a. Establishment of multiple sublineages of H5N1 influenza virus in Asia: Implications for pandemic control. *PNAS*. 103: 2845-2850.
- Chen H., Smith G.J.D., Zhang L.J., Qin K., Wang J., Li K.S., Webster R.G., Peiris J.S.M., Guan Y. 2005. H5N1 virus outbreak in migratory waterfowl. *Nature*. 436:191-192.
- Cheung P., Connie Y.H., Chow CK., Nga CF., Tsanga CL., Wua Y., Maa S., Sia SF., Guana Y., Peiris J.S.M. 2009. Identifying the species-origin of faecal droppings used for avian influenza virus surveillance in wild-birds. *Journal of Clinical Virology*. 46:90-93.
- Christley R., Robinson S., Lysons R., French N. 2005. Network analysis of cattle movement in Great Britain, in D. Mellor, A. Russell & J. Wood, eds, 'Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine Proceedings'. Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine, Nairn, Inverness, Scotland, pp. 234-244. 2.
- Chumpolbanchorn K., Suemanotham N., Siripara N., Puyati B., Chaichoune K. 2006. The effect of temperature and UV light on infectivity of avian influenza virus (H5N1, Thai field strain) in chicken fecal manure. *South. Asian J Trop Med Public Health*. 37(1):102-105.
- Clements A., Pfeiffer D., Martin V. 2006. Application of knowledge-driven spatial modelling approaches and uncertainty management to a study of Rift Valley fever in Africa. *International Journal of Health Geographics*. 5:57doi:10.1186/1476-072X-5-57.
- Corine Land Cover. 2000. Disponible en <http://www.eea.europa.eu/> Último acceso Octubre 2010.
- Cramb y Simmons 1977. Vol I (Ostrich to ducks). *Handbook of the Birds of Europe the Middle East and North Africa*.
- Cuenca Hidrográfica del Tajo. 2010. Datos del Embalse de Almoguera. Disponibles en <http://www.chtajo.es/>. Último acceso Octubre del 2010.
- De Glanville WA., Stevens KB., Costard S., Métras R., Pfeiffer D. Mapping the risk of spread of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 in Indonesia using multicriterio decision modelling. February 2009 The Royal Veterinary College.
- De Nardi R., Terregino C., Cattoli G., Toffan A., Beato MS., Guberti V., Scremin M. 2005. Preliminary results of an influenza surveillance in wild birds, game birds, domestic ducks and geese in North Eastern Italy. *ITAL.J.ANIM.SCI*4:292-295.
- DEFRA (Department of Environment, Food, and Rural Affairs, United Kingdom). 2008. Disponible en <http://www.defra.gov.uk/news/2008/070216b.htm>. Último acceso: 10/04/2008.
- DEFRA. Department of Environment, Food, and Rural Affairs. 2006. HPAI H5N1 situation in Europe and potential risk factors for the introduction of the virus to the United Kingdom. (Authors: Sabirovic, M., Hall, S., Wilesmith, J., Coulson, N., Landeg F.), International Animal Health Division, 1A Page Street, London, SW1P 4PQ, United Kingdom. Version 1, Released 06 July 2006, p. 26.
- Dent J.E., Kao R.R., Kiss I.Z., Hyder K., Arnold M. 2008. Contact structures in the poultry industry in Great Britain: exploring transmission routes for a potential avian influenza virus epidemic. *BMC vet. Res.* 4: 14.
- Doherr MG., Heim D., Fatzer R., Cohen CH., Vandeveld M., Zurbriggen A. 2001. Targeted screening of high-risk cattle populations for BSE to augment mandatory reporting of clinical suspects. *Prev. Vet. Med.* 51:3-16.

- Domanska-Blicharz K., Minta Z., Smietanka K., Marché S., van den Berg T. 2010. H5N1 High Pathogenicity Avian Influenza Virus Survival in Different Types of Water. *Avian Diseases*.54:734-737.
- Dorigatti A., Mulatti P., Rosàc R., Pugliesea A., Busani L. 2010. Modelling the spatial spread of H7N1 avian influenza virus among poultry farms in Italy. *Epidemics* 2(1):29-35 doi:10.1016/j.epidem.2010.01.002.
- Ducatez M. F., Olinger C. M., Owoade A. A., Tarnagda Z., Tahita M. C., Sow A., De Landtsheer S., Ammerlaan W., Ouedraogo J. B., Osterhaus A. D. M. E., Fouchier R. A. M., Muller C. P. 2007. Molecular and antigenic evolution and geographical spread of H5N1 highly pathogenic avian influenza viruses in western Africa. *J Gen Virol*. 88: 2297-2306.
- Eagles D., Siregar ES., Dung DH., Weaver J., Wong F., Daniels P. 2009. H5N1 highly pathogenic avian influenza in Southeast Asia. *Rev Sci Tech*. 28(1):341-348.
- Ebdon D. 1985. *Statistics in Geography*. Blackwell Publishing Ltd., UK TJ International Ltd, Padstow, Cornwall.2ª ed.1985.ISBN 0-631-13688-6 (pkb).232p
- EFSA. 2008. Scientific Opinion of the Panel on Animal Health and Welfare on a request from The European Commission on Animal health and welfare aspects of avian influenza and the risk of its introduction into the EU poultry holdings. *The EFSA Journal*.715.pp 1-161.
- Elbers ARW., Fabri THF., Vries TS., Wit JJ., Pijpers A., Koch G. 2004. The HPAI A (H7N7) virus Epidemic in the Netherlands in 2003:Lessons Learned from the first five outbreaks. *Avian Diseases* 48: 691-705.
- Ellis T.M., Bousfield R.B., Bissett L.A., Dyrting K.C., Luk G.S.M., Tsim S.T., Sturm-Ramirez K., WebsterR.G., Guan Y., Peiris J.S.M. 2004. Investigation of outbreaks of highly pathogenic H5N1 avian influenza in waterfowl and wild birds in Hong Kong in late 2002. *Avian Pathol*. 33(5):492-505.
- European Commission 2008a. VLA draft of the annual report on surveillance for avian influenza in poultry in the European Union in 2008. Disponible en [http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/avian/eu\\_resp\\_surveillance\\_en.htm](http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/avian/eu_resp_surveillance_en.htm). Último acceso Octubre 2010.
- Falconi F., Ochs H., Deplazes P. 2002. Serological crosssectional survey of psoroptic sheep scab in Switzerland. *Veterinary Parasitology*. 109: 119-127.
- Fang L., Sake J., Song L., Caspar W. N., Peng G., Bing X., Lei Y., Hong Y., Jan HR., Wu-Chun C. 2008. Environmental Factors Contributing to the Spread of H5N1 Avian Influenza in Mainland China *Plos ONE*. 3(5): e2268.
- Feo Parrondo F. 2003. *Avicultura en España: cambios productivos y territoriales*. Nimbus nº 11-12:129-149. ISSN 1139-7136
- Fernández PS, Vila A., Carpente J. 2002. Determinación de factores de riesgo. *Unidad de Epidemiología Clínica y Bioestadística*. Complejo Hospitalario Juan Canalejo. A Coruña. *Cad Aten Primaria* 1997; 4: 75-78.
- FIR.2008. Ficha informativa de los humedales Ramsar. Disponible en [http://www.ramsar.org/ris/key\\_ris\\_index.htm](http://www.ramsar.org/ris/key_ris_index.htm). Última consulta Enero 2008.
- Fitchner G. J. 1987. The Pennsylvania/Virginia experience in eradication of avian influenza H5N2. *Proceedings of the Second International Symposium on Avian Influenza*, pp. 33-38. U.S. Animal Health Association, University of Wisconsin, USA.
- Forrest HL., Kim JK., Webster RG. 2010 Virus shedding and potential for interspecies waterborne transmission of highly pathogenic H5N1 influenza virus in sparrows and chickens. *J Virol*. 84(7):3718-3720.
- Fouchier R.A. y Kuiken T. 2008. Wild ducks as long distance vectors of highly pathogenic avian influenza virus (H5N1). *Emerging Infectious Diseases*. 14:600-607.
- Fouchier RA. y Munster V. 2009. Epidemiology of low pathogenic avian influenza viruses in wild birds. *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz*. 28 (1): 49-58.

- Fouchier RA., Munster V., Wallensten A., Bestebroer TM., Herfst S., Smith D., Rimmelzwaan GF., Olsen B., Osterhaus AD. 2005 Characterization of a Novel Influenza A Virus Hemagglutinin Subtype (H16) Obtained from Black-Headed Gulls. *Journal of Virology*. 79 (5): 2814-2822.
- Gall-Reculé G., Briand FJ., Schmitz A., Guionie O., Massin P., Jestin V. 2008. Double introduction of highly pathogenic H5N1 avian influenza virus into France in early.2006.*Avian Pathology* 37(1):15-23.
- Gao W., Soloff A.C., Lu X., Montecalvo A., Nguyen D.C., Matsuoka Y., RobbinsP.D., Swayne D.E., Donis R.O., Katz J.M., Barratt-Boyes S.M., Gambotto A. 2006. Protection of mice and poultry from lethal H5N1 avian influenza virus through adenovirus-based immunization. *J.Virol.* 80:1959-1964.
- Garber L., Hill G., Rodriguez J., Gregory G., Voelker L. 2007. Non-commercialpoultry industries: Surveys of back-yard and gamefowl breeder flocks in the United States. *Preventive Veterinary Medicine* 80:120-128.
- Garske T., Clarke P., Ghani AC. 2007. The transmissibility of highly pathogenic avian influenza in commercialpoultry in industrialised countries. *PLoS ONE*. 2. e349
- Getis A. y Ord JK. 1992. The analysis of spatial association by use of distance statistics. *Geogr. Anal.* 24:189-206.
- Gilbert M., Xiao X., Pfeiffer D., Epprecht M., Boles S., Czarnecki C., Chaitaweesub P., Kalpravidh W., Phan M., Otte M. J., Martin V., Slingenbergh J. 2008. Mapping H5N1 highly pathogenic avian influenza risk in Southeast Asia. *PNAS* 105: 4769-4774.
- Gómez M., y Barredo JI. 2005. *Sistemas de Información Geográfica y evaluación multicriterio*. Ed. RA-MA. Albadalejo SL. España. ISBN 84-7897-673-6. 276p.
- Goodchild, Michael F. *Spatial Autocorrelation*. Catmog 47, Geo Books. 1986
- Goodwin RFW. 1985. Apparent reinfection of enzootic pneumonia-free pig herds: search for possible causes. *Veterinary Record*. 116:690-694.
- Green A., y Figuerola J. 2003. Aves acuáticas como bioindicadoras en los humedales. *Ecología, manejo y conservación de los humedales*. Instituto de estudios almerienses, Almería. 47-60.
- Griffith D. 1987. *Spatial Autocorrelation: A Primer*. Resource Publications in Geography, Association of American geographers. 1987
- Grillet ME.,Martinez J., Barrera R. 2009. Focos calientes de transmisión de malaria: Implicaciones para un control orientado y efectivo en Venezuela. *Bol Mal Salud Amb.*49(2):193-208. ISSN 1690-4648.
- Guan Y., Peiris JS., Lipatov AS., Ellis TM., Dyrting KC., Krauss S., Zhang LJ., Webster RG., Shortridge KF. 2002. Emergence of multiple genotypes of H5N1 avian influenza viruses in Hong Kong SAR. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 99(13):8950-8955.
- Halse S.A., Williams MR., Jaensch RP., Lane JAK. 1993. Wetland characteristics and waterbird use of wetlands in South-Western Australia. *Wildl.Res.*20:103-126.
- Halvorsen DA., Kelleher CJ., Senne DA. 1985. Epizootiology of avian influenza: effect of season on incidence in sentinel ducks and domestic turkeys in Minnesota. *Appl.environ. Microbiol.* 49 (4):914-919.
- Halvorson DA. 2009. Prevention and Management of avian influenza outbreaks: experiences from the United States of America *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.*28(1):359-369.
- Halvorson DA., Kelleher CJ., Senne DA. 1985. Epizootiology of Avian Influenza: Effect of Season on Incidence in Sentinel Ducks and Domestic Turkeys in Minnesota. *Applied and environmental microbiology*. 49(4):914-919.
- Henzler DJ., Kradel DC., Davison S., Ziegler AF., Singletary D., DeBok P., Castro AE., Lu H., Eckroade R., Swayne D., Lagoda W., Schmucker B., Nesselrodt A. 2003. Epidemiology, production losses, and control measures associated with an outbreak of avian influenza subtype H7N2 in Pennsylvania (1996-1998). *Avian Dis.* 47:1022-1036.

- Hinshaw V.S., Webster R.G., Turner B. 1980. The perpetuation of orthomyxoviruses and paramyxoviruses in Canadian waterfowl. *Can. J. Microbiol.* 26: 622-629.
- Hinshaw VS, Webster RG, Turner B. 1979. Water-bone transmission of influenza A viruses? *Intervirology*. Vol 11(1):66-8
- Hoar, BR., Chomel, BB., Rolfe, DL., Chang, CC., Fritz, CL., Sacks, BN., Carpenter, TE. 2003. Spatial analysis of *Yersinia pestis* and *Bartonella vinsonii subsp. berkhoffii* seroprevalence in California coyotes (*Canis latrans*). *Preventive Veterinary Medicine*. 56:299-311.
- Honhold N., Taylor NM., Mansley LM., Paterson AD. 2004a. Relationship of speed of slaughter on infected premises and intensity of culling of other premises to the rate of spread of the foot-and-mouth disease epidemic in Great Britain. *Veterinary Record*. 155:287-294
- Honhold N., Taylor NM., Wingfield A., Einshøj P., Middlemiss C., Eppink L., Wroth R., Mansley LM. 2004b. Evaluation of the application of veterinary judgement in the pre-emptive cull of contiguous premises during the epidemic of foot-and mouth disease in Cumbria in 2001. *Veterinary Record* 155:349-355
- Horimoto T. y Kawaoka Y. 2001. Pandemic threat posed by avian influenza A viruses. *Clin Microbiol.* 14(1):129-149.
- Hosmer DW. y Lemeshow S. 2000. *Applied Logistic Regression*, 2nd edn. John Wiley, New York.
- Hulse-Post D., Sturm-Ramirez K., Humberd J., Seiler P., Govorkova E., Krauss S., Scholtissek C., Puthavathana P., Buranathai C., Nguyen T., Long H., Naipospos T.S.P., Chen H., Ellis T., Guan Y., Peiris J. Webster R. 2005. Role of domestic ducks in the propagation and biological evolution of highly pathogenic H5N1 influenza viruses in Asia. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A*. 102(30): 10682-10687.
- Iglesias I., Martínez M., De la Torre A., Muñoz MJ., Sánchez-Vizcaíno JM. 2010e. First case of highly pathogenic avian influenza in poultry in Spain. *Transboundary and emerging diseases*. 57(4):282-285.
- Iglesias I., Martínez M., Martínez B., De la Torre A., Muñoz MJ. y Sánchez-Vizcaíno JM. 2010a. Análisis de riesgo probabilístico de la entrada y difusión de la Influenza Aviar y la Enfermedad de Newcastle en España. Documento técnico para el Ministerio de Agricultura y Alimentación. Ed. Sánchez-Vizcaíno JM. ISBN: 978-84-693-0837-0. Madrid
- Iglesias I., Muñoz M.J., Martínez M., de la Torre A. 2009. Modelling of risk factors for H5N1 HPAI virus occurrence and survival in wetlands using environmental wetland parameters and climatic data. ISSN 1177-3618. ISVEE 12 Proceedings of the 12th Symposium of the International Society for Veterinary Epidemiology and Economics, Durban, South Africa: ISVEE 12, 275, 2009. Presentación disponible en [www.sciquest.org.nz](http://www.sciquest.org.nz)
- Iglesias I., Perez A., De la Torre A., Muñoz MJ., Martínez M., Sánchez-Vizcaíno JM. 2010b. Identifying areas for infectious animal disease surveillance in the absence of population data: Highly pathogenic avian influenza in wild bird populations of Europe. *Preventive Veterinary Medicine* 96:1-8.
- Iglesias I., Pérez AM., Sánchez-Vizcaíno JM., Muñoz MJ., Martínez M., De la Torre, A. 2010c. Reproductive ratio for the local spread of highly pathogenic avian influenza in wild bird populations of Europe in 2005-2008. *Epidemiology and Infection*. Jun 14:1-6. PMID:20546634. doi:10.1017/S0950268810001330
- Iglesias I; Muñoz MJ; Martínez M; de la Torre A. 2010d. Environmental factors associated with high risk for H5N1 HPAI in Ramsar wetlands of Europe. *Avian Diseases* 54:814-820.
- Isaaks EH. Y Srivastava RM. 1989. Inverse distance methods. En Isaaks EH, Srivastava RM (eds) *An introduction to applied geostatistics*. Oxford University Press, New York, NY, p 257-259.
- Ito T., Okazaki K., Kawaoka Y., Takada A., Webster RG., Kida H. 1995. Perpetuation of influenza A viruses in Alaskan waterfowl reservoirs. *Archives of Virology* .140:1163-1172.
- Jong MCM y Hagenaars TJ. 2009. Modelling control of avian influenza in poultry: the link with data. *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.* 28 (1):371-377.

- Junta de Andalucía 2007. Disponible en [http://www.juntadeandalucia.es/medioambiente/site/web/menuitem.a5664a214f73c3df81d8899661525ea0/?vgnnextoid=81e24b0b3677a110VgnVCM1000000624e50aRCRD&vgnnextchannel=c715dfd0aedac110VgnVCM1000001325e50aRCRD&lr=lang\\_es](http://www.juntadeandalucia.es/medioambiente/site/web/menuitem.a5664a214f73c3df81d8899661525ea0/?vgnnextoid=81e24b0b3677a110VgnVCM1000000624e50aRCRD&vgnnextchannel=c715dfd0aedac110VgnVCM1000001325e50aRCRD&lr=lang_es). Último acceso Octubre 2010.
- Kaleta E.F. y Rülke C.P.A. 2008. The beginning and spread of fowl plague (H7 high pathogenicity avian influenza) across Europe and Asia (1878-1955). Chapter 7. In Avian influenza (D.E. Swayne, ed.). Blackwell Press, Ames, Iowa. 145-189.
- Kalthoff D., Breithaupt A., Teifke J.P., Globig A., Harder T., Mettenleiter T.C. & Beer M. 2008. Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) in experimentally infected adult mute swans. *Emerging Infectious Diseases*. 14:1267-1270.
- Keawcharoen J., Van Riel D., Van Amerongen G., Bestebroer T., Beyer WE., Van Lavieren R., Osterhaus AD., Fouchier RA., Kuiken T. 2008. Wild ducks as long-distance vectors of highly pathogenic avian influenza virus (H5N1). *Emerging Infectious Diseases*. 14(4):600-607.
- Keeling MJ. 2002. Models of foot-and-mouth disease. *Proc. R. Soc. B*. 272(1569): 1195-1202.
- Khalenkov A., Laver wG., Webster RG. 2008. Detection and isolation of H5N1 influenza virus from large volumes of natural water. *J Virol Methods*. 149(1):180-183
- Khawaja JZ., Naeem K., Ahmed Z., Ahmad S. 2005. Surveillance of Avian Influenza Viruses in Wild Birds in Areas Adjacent to Epicenter of an out Break in Federal Capital Territory of Pakistan. *International Journal of Poultry Science*. 4 (1): 39-43.
- Kishida N., Sakoda Y., Isoda N., Matsuda K., Eto M., Sunaga Y., Umemura T., Kida H. 2005. Pathogenicity of H5 influenza viruses for ducks. *Archives of Virology*. 150(7):1383-1392.
- Kulldorff M. 1997. A spatial scan statistic. *Comm. Stat. Theor. Meth*. 26: 1481-1496.
- Kulldorff M., Nagarwalla N. 1995. Spatial disease clusters: Detection and inference. *Statistics in Medicine* 14:799-819.
- Kung NYH. 2006. Epidemiological Studies of Avian Influenza Viruses in Hong Kong. Universidad de Massey. New Zeland.
- Landman W.J. y Schrier C.C. 2004. Avian influenza: eradication from commercial poultry is still not in sight. *Tijdschr Diergeneeskde*. 129(23): 782-796.
- Le Menach A., Vergu E., Grais R.F., Smith D.L., Flahault A. 2006. Key strategies for reducing spread of avian influenza among commercial poultry holdings: lessons for transmission to humans. *Proc. roy. Soc. Lond., B, biol. Sci*. 273:2467-2475.
- Lee J., y Wong D. 2001. Statistical Analysis with ArcView and GIS. John Wiley y Sons, Inc. New York. ISBN-13: 9780471468998. 2001.192p:48-49.
- Lee YJ., Choi YK., Kim YJ., Song MS., Jeong OM., Lee EK., Jeon WJ., Jeong W., Joh SJ., Choi KS., Her M., Kim MC., Kim A., Kim MJ., Ho Lee E., Oh TG., Moon HJ., Yoo DW., Kim JH., Sung MH., Poo H., Kwon JH., Kim CJ. 2008. Highly Pathogenic Avian Influenza Virus (H5N1) in Domestic Poultry and Relationship with Migratory Birds, South Korea. *Emerging Infectious Diseases* 14(4):487-490.
- Leibler JH., Carone M., Silbergeld EK. 2010. Contribution of Company Affiliation and Social Contacts to Risk Estimates of Between-Farm Transmission of Avian Influenza. *PLoS ONE*. 5(3): e9888. doi:10.1371/journal.pone.0009888
- Leon E., Duffy S., Stevenson M., Lockhart C., Späth E. 2007. FAO: Sistema AVE (Asistencia en la Vigilancia Epidemiológica) de información geográfica para la asistencia en la vigilancia epidemiológica de la influenza aviar basado en el riesgo. Elaborado en el marco de la Carta de Acuerdo entre la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO) y el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). FAO Roma, Italia. 2007. ISBN 978-92-5-306318-5
- Leung Y., Zhang L., Chow C., Tsang C., Ng C., Wong C., Guan Y., Peiris J. 2007. Poultry drinking water used for avian influenza surveillance. *Emerg Infect Dis*. 13(9): 1380-1382.

- Li K.S., Guan Y., Wang J., Smith G.J.D., Xu K.M., Duan L., Rahardjo A.P., Puthavathana P. et al. 2004. Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia. *Nature*. 430:209-213.
- Liu J., Xiao H., Lei F., Zhu Q., Qin K., Zhang X., Zhao D., Wang G., Feng Y., Ma J., Liu W., Wang J., Gao, G.F. 2005. Highly pathogenic H5N1 influenza virus infection in migratory birds. *Science*. 309 (5738): 1206.
- Lockhart CY. 2008. Surveillance for Diseases of Poultry with Specic Reference to Avian Influenza. Tesis doctoral de la Universidad de Massey.
- López-Abente G., e Ibáñez C. 2001. Aplicación de técnicas de análisis espacial a la mortalidad por cáncer en Madrid. Documentos Técnicos de Salud Pública. Nº 66. CONSEJERIA DE SANIDAD. Dirección General de Salud Pública. Comunidad de Madrid. Madrid.
- Lu H., Castro AE., Pennick K., Liu J., Yang Q., Dunn P., Weinstock D., Henzler D. 2003. Survival of Avian Influenza Virus H7N2 in SPF Chickens and Their Environments. *Avian Diseases*. 47 (3):1015–1021.
- Mannelli A., Busani L., Toson M., Bertolini S., Marangon S. 2007. Transmission parameters of highly pathogenic avian influenza (H7N1) among industrial poultry farms in northern Italy in 1999–2000. *Preventive Veterinary Medicine* 81: 318–322.
- Mannelli A., Ferre N., Marangon S. 2006. Analysis of the 1999–2000 highly pathogenic avian influenza (H7N1) epidemic in the main poultry-production area in northern Italy. *Prev. Vet. Med.* 73: 273–285.
- Mannelli A., Ferrè N., Marangon S., Drigo M. 2004. Spatiotemporal analysis of the 1999-2000 avian influenza epidemic in the main poultry production area in Northern Italy. *Proceeding SVEPM 2004, Martigny (CH)*, 13-20.
- MAPA, 2008. Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación. Evolución de la IAAP. Disponible en [http://www.mapa.es/es/ganaderia/pags/influenza\\_aviar/evolucion.htm](http://www.mapa.es/es/ganaderia/pags/influenza_aviar/evolucion.htm). Último acceso Julio 2008.
- MAPA. 2003. Libro blanco de la agricultura y el desarrollo rural. Madrid: Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Capítulos 14 y 17.
- Mardones FO., Perez AM., Martínez A., Carpenter T.E. 2008. Risk factors associated with *Tritrichomonas foetus* infection in beef herds in the Province of Buenos Aires, Argentina. *Veterinary Parasitology* 153:231–237.
- MARM 2010a. El sector de la avicultura de puesta en cifras principales indicadores económicos en 2009. Junio 2010. Subdirección General de Productos Ganaderos. Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino.
- MARM 2010b. El sector de la carne de aves en cifras principales indicadores económicos en 2009. Junio 2010. Subdirección General de Productos Ganaderos. Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino.
- MARM 2010c. Guía de mejores técnicas disponibles del sector de la avicultura de puesta. Disponible en : [http://www.mapa.es/es/ganaderia/pags/medio\\_Ambiente/ippc.htm](http://www.mapa.es/es/ganaderia/pags/medio_Ambiente/ippc.htm). Último acceso Octubre 2010.
- MARM 2010d. Guía de mejores técnicas disponibles del sector de la avicultura de carne. Disponible en : [http://www.mapa.es/es/ganaderia/pags/medio\\_Ambiente/ippc.htm](http://www.mapa.es/es/ganaderia/pags/medio_Ambiente/ippc.htm). Último acceso Octubre 2010.
- MARM. 2005. Guía de buenas prácticas en avicultura. Documentos disponibles en <http://www.mapa.es/es/ganaderia/pags/practicas/practicas.htm>. Último acceso Julio 2010.
- MARM. 2007. Manual práctico de operaciones en la lucha contra la influenza aviar. Dirección General de Ganadería. Subdirección General de Sanidad Animal. Disponible en [http://www.mapa.es/ganaderia/pags/influenza\\_aviar/manual.pdf](http://www.mapa.es/ganaderia/pags/influenza_aviar/manual.pdf). Último acceso Junio 2010.
- MARM. 2010e. Programa de vigilancia de la influenza aviar en España 2010. Disponible en <http://rasve.mapa.es/Publica/Programas/>. Último acceso Octubre 2010.

- Martínez López B. 2009. Desarrollo de modelos epidemiológicos cuantitativos para el análisis del riesgo de introducción y difusión potencial de los virus de la fiebre aftosa y de la peste porcina clásica en España. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense. Tesis Doctoral.
- Martínez M., Muñoz MJ., De La Torre A., Iglesias I., Peris S., Infante O. y Sánchez-Vizcaíno JM. 2009. Risk of introduction of H5N1 HPAI from Europe to Spain by wild water birds in autumn. *Transboundary and Emerging Diseases*. 56: 86-98.
- Martínez M., Pérez AM., de la Torre A., Iglesias I., Muñoz M.J. 2008. Association between number of wild birds sampled for identification of H5N1 avian influenza virus and probability of outbreaks in the European Union. *Transboundary and emerging diseases*. 55 (9-10): 393-403.
- Martínez M.; Perez AM., De la Torre A.; Iglesias I., Sánchez-Vizcaíno JM., Muñoz MJ. 2010. Evaluating surveillance in wild birds by the application of risk assessment of avian influenza introduction into Spain *Epidemiology and Infection*. Junio.1-8. doi:10.1017/S0950268810001287
- Martínez-López B., Ivorra B., Ramos AM., Sanchez-Vizcaino JM. 2010. A novel spatial and stochastic model to evaluate the within- and between-farm transmission of classical swine fever virus. I. General concepts and description of the model. *Veterinary microbiology*. *Veterinary Microbiology*. Artículo en prensa.
- Martínez-López B., Perez AM., Sánchez-Vizcaíno JM. 2009b. Combined application of social network and cluster detection analyses for temporal-spatial characterization of animal movements in Salamanca, Spain. *Prev Vet Med*. 91(1):29-38.
- McLeod A. 2010. Economics of Avian Influenza Management and Control in a World with Competing Agendas. *Avian diseases*. 53:374-379.
- Miller MA., Gardner IA., Kreude, C., Paradies DM., Worcester KR., Jessup DA., Dodd E., Harris MD., Ames JA., Packham AE., Conrad PA. 2002. Coastal freshwater runoff is a risk factor for *Toxoplasma gondii* infection of southern sea otters (*Enhydra lutris nereis*). *International Journal for Parasitology*. 32:997-1006.
- Miller MA., Grigg ME., Kreuder C., James ER., Melli AC., Crosbie PR., Jessup DA., Boothroyd JC., Brownstein D., Conrad PA. 2004a. An unusual genotype of *Toxoplasma gondii* is common in California sea otters (*Enhydra lutris nereis*) and is a cause of mortality. *International Journal for Parasitology*. 34:275-284.
- Mitchell MA. y Kettlewell PJ. 2009. Welfare of poultry during transport: a review. *Poultry Welfare Symposium Cervia, Italy, 18-22 May 2009*.
- Montes C y Martino P. 1987. Las lagunas salinas españolas. En *Real Academia de Ciencias Exactas Físicas y Naturales*. Madrid.
- Moran, PAP. 1950. Notes on continuous stochastic phenomena. *Biometrika*. 37:17-23.
- Morris RS., Wilesmith JW., Stern MW., Sanson RL., Stevenson MA. 2001. Predictive spatial modelling of alternative control strategies for the foot-and-mouth disease epidemic in Great Britain *Vet. Rec*. 149:137-145.
- Mulatti P., Kitron U., Mannelli A., Ferre` N., Marangon S. 2007. Spatial analysis of the 1999-2000 highly pathogenic avian influenza (H7N1) epidemic in northern Italy. *Avian Diseases* 51: 421-424.
- Mullarney K., Svensson L., Zetterström D., Grant PJ. 2007. Guía de aves. Ediciones Omega S.A. Barcelona. ISBN 978-84-282-1218-2.
- Munster V.J., Wallensten A., Baas C., Rimmelzwaan G.F., Schutten M., Olsen B., Osterhaus DME., Fouchier R. 2005. Mallards and highly pathogenic avian influenza ancestral viruses, Northern Europe. *Emerg Infect Dis*. 11 (10): 1.545-1.551.
- Muñoz MJ., Sánchez-Vizcaíno JM., Peris S. 2006. Can highly pathogenic avian influenza (HPAI) reach the Iberian Peninsula from Asia by means of migratory birds?. *Spanish Journal of Agricultural Research*. 4(2):140-145.

- Nazir J, Haumacher JA., Ike A., Stumpf P., Boëhm R., Marschang R. 2010. Long-Term Study on Tenacity of Avian Influenza Viruses in Water (Distilled Water, Normal Saline, and Surface Water) at Different Temperatures. *Avian Diseases*. 54:720–724.
- Nguyen DC., Uyeki TM., Jadhao S., Maines T., Shaw M., Matsuoka Y. 2005. Isolation and characterization of avian influenza viruses, including highly pathogenic H5N1, from poultry in live bird markets in Hanoi, Vietnam, in 2001. *J Virol*. 79(7):4201–4212. 1.
- Nin A. y Falconi C. 2007. Potential Economic Impact of Avian Influenza on the Latin American and Caribbean Poultry Sector. Publication of the Inter-American Development Bank, April 2007. Sustainable Development Department Technical Papers Series. New York Avenue, N.W. Washington, D.C. 20577.RA644 .I64N45 2007.
- OIE Oficina Internacional de Epizootías. 2010b. Código Sanitario para los Animales Terrestres. Capítulo 10.4. Disponible en [http://www.oie.int/esp/normes/mcode/es\\_chapitre\\_1.10.4.htm](http://www.oie.int/esp/normes/mcode/es_chapitre_1.10.4.htm). Último acceso Septiembre del 2010.
- OIE. 2010 a. Oficina Internacional de Epizootías: WHAHID: Enfermedades en el tiempo de Europa. Disponible en [http://www.oie.int/wahis/public.php?page=country\\_timelines&public\\_country\\_code=Array&disease\\_id=15&disease\\_type=Terrestrial&selected\\_analysis=1&firstyear=2005&lastyear=2010](http://www.oie.int/wahis/public.php?page=country_timelines&public_country_code=Array&disease_id=15&disease_type=Terrestrial&selected_analysis=1&firstyear=2005&lastyear=2010). Última consulta realizada el 18/10/2010.
- OIE. 2010d. Oficina Internacional de Epizootías. Disponible en [http://www.oie.int/download/AVIAN%20INFLUENZA/A\\_AI-Asia.htm](http://www.oie.int/download/AVIAN%20INFLUENZA/A_AI-Asia.htm). Último acceso Octubre del 2010.
- OIE. Oficina Internacional de Epizootías. 2005. Manual de las Pruebas de Diagnóstico y de las Vacunas para los Animales Terrestres: Influenza Aviar. Disponible en [http://www.oie.int/esp/normes/mmanual/pdf\\_es/2.1.14\\_Gripe\\_aviar\\_2007.pdf](http://www.oie.int/esp/normes/mmanual/pdf_es/2.1.14_Gripe_aviar_2007.pdf). Último acceso Octubre 2010.
- OIE. Oficina Internacional de Epizootías. 2007. Anexo 3.8.9 del Código Sanitario para los Animales Terrestres. Disponible en [http://www.oie.int/esp/normes/mmanual/pdf\\_es/2.1.14\\_Gripe\\_aviar\\_2007.pdf](http://www.oie.int/esp/normes/mmanual/pdf_es/2.1.14_Gripe_aviar_2007.pdf). Último acceso noviembre del 2009.
- OIE. Oficina Internacional de Epizootías. 2009. Wahid. Notificaciones de enfermedades. IAAP en Rusia en Noviembre del 2009. Ref OIE: 8619. Disponible en [http://www.oie.int/wahis/reports/es\\_imm\\_0000008619\\_20091105\\_155843.pdf](http://www.oie.int/wahis/reports/es_imm_0000008619_20091105_155843.pdf). Último acceso Octubre 2010.
- OIE. Oficina Internacional de Epizootías. 2010c. Fichas técnicas de las enfermedades: Influenza Aviar Altamente Patógena. Disponible en [http://www.oie.int/eng/maladies/Technical%20disease%20cards/AVIAN%20INFLUENZA\\_FINAL.pdf](http://www.oie.int/eng/maladies/Technical%20disease%20cards/AVIAN%20INFLUENZA_FINAL.pdf). Último acceso septiembre 2010.
- OIE. 2008. Oficina Internacional de Epizootías. Terrestrial Animal Health Code. Chapter 10.4. Avian influenza. 17th Ed. OIE, Paris. Vol 2:430-446.
- OIE-WAHID. Oficina Internacional de Epizootías. 2009. Brote de IABP en Navarra en 2009. Disponible en [http://www.oie.int/wahis/public.php?page=single\\_report&pop=1&reportid=8233](http://www.oie.int/wahis/public.php?page=single_report&pop=1&reportid=8233). Último acceso Octubre del 2010.
- Okazaki K, Takada A, Ito T, Imai M, Takakuwa H, Hatta M, Okazaki H, Tanizaki T, Nagacano T, Niyomiya A, Demenev VA, Tyaptirganov MM, Karateyeva TD, Yamnikova SS, Lvov DK, Kida H. 2000. Precursor genes of future pandemic influenza viruses are perpetuated in ducks nesting in Siberia. *Archives of Virology*. 145 (5): 885-893.
- Olea-Popelka FJ., Flynn O., Costello E., McGrath G., Collins JD., O'Keeffe J., Kelton DF., Berke O., Martin SW. 2005. Spatial relationship between *Mycobacterium bovis* strains in cattle and badgers in four areas in Ireland. *Preventive Veterinary Medicine*. 71:57–70.



- Olea-Popelka FJ., Griffin JM., Collins JD., McGrath G., Martin SW. 2003. Bovine tuberculosis in badgers in four areas in Ireland: Does tuberculosis cluster?. *Preventive Veterinary Medicine*. 59:103-111.
- OMS. 2010. Organización Mundial de la Salud. Disponible en [http://www.who.int/csr/disease/avian\\_influenza/en/index.html](http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/en/index.html) . Última consulta realizada el 18/10/2010.
- Panigrahy B., Senne DA., Pedersen JC. 2002. Avian influenza virus subtypes inside and outside the live bird markets, 1993-2000: A spatial and temporal relationship. *Avian Diseases*. 46(2):298-307.
- Pantin-Jackwood M.J. y Swayne D.E. 2009. Pathogenesis and pathobiology of avian influenza virus infection in birds *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.* 28 (1):113-136.
- Pasick J., Berhane Y., Hooper-McGrevy K. 2009. Avian influenza: the Canadian experience. *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.* 28 (1):349-358.
- Peña D., Romo, J. 1997. Introducción a la estadística para las Ciencias Sociales. Madrid, McGraw-Hill/Interamericana de España.
- Perez AM., Marro V., Schiaffino L., Pirles M., Bin L., Ward MP. 2003b. Factores de riesgo asociados con casos clínicos de moquillo canino en Casilda, Santa Fe. *Investigación veterinaria*. 5 (1):75-81.
- Perez AM., Ward MP., Torres P., Ritacco V. 2002. Use of spatial statistics and monitoring data to identify clustering of bovine tuberculosis in Argentina. *Preventive Veterinary Medicine*. 56: 63-74.
- Perez D, Lim W., Seiler J., Yi G., Peiris M., Shortridge K., Webster R.G. 2003. Role of Quail in the Interspecies Transmission of H9 Influenza A. Molecular Changes on HA That Correspond to Adaptation from Ducks to Chickens. *Journal of Virology*. 77(5):3148-3156.
- Perez D, Lim. W., Seiler J., Yi G., Peiris M., Shortridge K., Webster R.G. 2003a. Role of Quail in the Interspecies Transmission of H9 Influenza A. Molecular Changes on HA That Correspond to Adaptation from Ducks to Chickens. *Journal of Virology*. 77(5):3148-3156.
- Pérez-Breña P., Casas I. 2004. Infecciones producidas por los virus de la gripe aviar A (H5N1) en las poblaciones de aves del sudeste asiático y en la especie humana. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*. 22 (7):412-418.
- Perkins L.E. y Swayne D.E. 2002. Pathogenicity of Hong Kong-origin H5N1 highly pathogenic avian influenza virus for emus, geese, ducks, and pigeons. *Avian Diseases*. 46: 53-63.
- Perkins L.E. y Swayne D.E. 2003. Comparative susceptibility of selected avian and mammalian species to a Hong Kong-origin H5N1 high-pathogenicity avian influenza virus. *Avian Dis.* 47:956-967.
- Perkins L.E.L. y Swayne D.E. 2001. Pathobiology of A/chicken/Hong Kong/220/97 (H5N1) avian influenza virus in seven gallinaceous species. *Vet. Pathol.*, 38(2):149-164.
- Perroncito E. 1878. Epizootia tifoide nei gallinacei. *Annali Accademia Agricoltura Torino* 2:87-126.
- Pfeiffer D., Robinson T., Stevenson M., Stevens K., Rogers D., Clements CA. 2008. *Spatial Analysis in Epidemiology*. United States by Oxford University Press Inc. New York. ISBN 978-0-19-850988-2 (Hbk.) 978-0-19-850989-9 (Pbk.).
- Pfeiffer D.U., Minh P.Q., Martin V., Epprecht M., Otte M.J. 2007. An analysis of the spatial and temporal patterns of highly pathogenic avian influenza occurrence in Vietnam using national surveillance data. *Vet. J.* 174(2):302-309.
- Philippa JDW., Munster VJ., van Bolhuis H., Bestebroer T., Schaftenaar W., Beyer WE., Fouchier R., Kuiken T., Osterhaus ADME. 2005. Highly pathogenic avian influenza (H7N7): vaccination of zoo birds and transmission to non-poultry species. *Vaccine*. 23: 5743-5750.
- Promed 2008b. Archive number 20080403.1223; 03-APR-2008; PRO/AH/EDR> Avian influenza (54): Switzerland, OIE; Disponible en

- [http://www.promedmail.org/pls/otn/f?p=2400:1001:1708119226908280::NO::F2400\\_P1001\\_BACK\\_PAGE,F2400\\_P1001\\_PUB\\_MAIL\\_ID:1010,72062](http://www.promedmail.org/pls/otn/f?p=2400:1001:1708119226908280::NO::F2400_P1001_BACK_PAGE,F2400_P1001_PUB_MAIL_ID:1010,72062). Último acceso Julio 2008.
- Promed. 2008a. Archive number 20070420.1302; 20-APR-2007; PRO/AH> Avian influenza (73) - UK (England; Disponible en ([http://www.promedmail.org/pls/otn/f?p=2400:1202:1708119226908280::NO::F2400\\_P1202\\_CHECK\\_DISPLAY,F2400\\_P1202\\_PUB\\_MAIL\\_ID:X,37129](http://www.promedmail.org/pls/otn/f?p=2400:1202:1708119226908280::NO::F2400_P1202_CHECK_DISPLAY,F2400_P1202_PUB_MAIL_ID:X,37129)). Último acceso Julio 2008.
- Quinn P.J., Markey B.K., Carter M.E., Donnelly W.J.C., Leonard F.C. 2001. "Microbiología y enfermedades infecciosas veterinarias". Ed.Acribia.Zaragoza.
- RAMSAR. 2008a. Lista de humedales de importancia internacional. Disponible en <http://www.ramsar.org/sitelist.doc>. 14 Enero de 2008. Último acceso Enero del 2008.
- RAMSAR. 2008b. Categorías aprobadas en la Recomendación 4.7 (1999) y modificadas por la Resolución VIII.13 de la 8ª Conferencia de las Partes Contratantes(2002) y Resoluciones IX.1, Anexo B, IX.6, IX.21 y IX. 22 de la 9ª Conferencia de las Partes Contratantes (2005). Disponibles en [http://www.ramsar.org/ris/key\\_ris\\_index.htm](http://www.ramsar.org/ris/key_ris_index.htm). Último acceso Enero del 2008.
- RASVE. Red de Alerta Sanitaria Veterinaria. 2010. Planes de vigilancia de la Influenza Aviar en España 2006, 2007, 2008, 2009, 2010. Disponibles en <http://rasve.mapa.es/Publica/Programas/>. Ultimo acceso Julio 2010.
- Real Escuela de Avicultura. 2003. Autores Juan C. Abad, José A. Castelló, Eduardo Carbajo, Pelayo Casanovas, Agustí Dalmau, Enrique García, Rafael Lera y Ricardo Martínez-Alesón. Reproducción e incubación en avicultura. Editada por la Real Escuela de Avicultura, Arenys de Mar.2003. España.ISBN: 849209785X
- REGA. 2003 Registro General de Explotaciones Ganaderas Documento Técnico Veterinario (Revisión 3).Disponible en: <http://www.oirsa.org/aplicaciones/subidoarchivos/BibliotecaVirtual/REGA.pdf>. último acceso Octubre 2010.
- Reid A.H., Janczewski T.A., Lourens R.M., Elliot A.J., DanielsC.L R.S., Berry J.S., Oxford J.K., Taubenberger. 2003. 1918 influenza pandemic caused by highly conserved viruses with two receptor-binding variants. *Emerging infectious diseases*. 9: 1249-1253.
- Ribbens S. 2009. Evaluating infection spread in Belgian pig herds using classical swine fever as a model. PhD Thesis.
- Ripley, B.D.1988. Statistical inference for spatial processes. Cambridge University Press.
- Rivera C., Villarreal C.H., García G.A., Flores H. 1995. La influenza aviar en México, Memorias. Ministry of Agriculture, Livestock and Rural Development, Mexico City. 39-56.
- Roche B., Lebarbenchon C., Gauthier-Clerc M., Chang C.M., Thomas F., Renaud F., Van der Werf S., Guegan J.F. 2008. Water-borne transmission drives avian influenza dynamics in wild birds: the case of the 2005-2006 epidemics in the Camargue area. *Infection, Genetics and Evolution*. 9(5):800-805.
- Rubio Nistal P, Naharro Carrasco G, Carvajal Urueña A, Díez del Pozo M, Rodríguez Torres A. 2007.La gripe aviar y su repercusión en Castilla y León. Documento Técnico. Consejo Económico y social.
- Saito T., Watanabe C., Takemae N., Chaisingh A., Uchida Y., Buranathai C., Suzuki H., Okamatsu M., Imada T., Parchariyanon S., Traiwanatam N., Yamaguchi S. 2009. Pathogenicity of highly pathogenic avian influenza viruses of H5N1 subtype isolated in Thailand for different poultry species. *Veterinary Microbiology*. 133(1-2):65-74.
- Sánchez A., Agüero M, Jiménez MA., Gómez-Tejedor C. 2006. Capitulo 3: Diagnóstico de laboratorio. En Sanz Pérez B. Monografías de la Real Academia Nacional de Farmacia, Monografía XXI. Influenza aviar y Gripe humana de origen aviario. ISBN 84-934430-4-2. Madrid

- Sánchez-Vizcaíno F., Perez A., Lainez M., Sánchez-Vizcaíno JM. 2010. A Quantitative Assessment of the Risk for Highly Pathogenic Avian Influenza Introduction into Spain via Legal Trade of Live Poultry. *Risk Analysis*. 30(5):798-807.
- Sánchez-Vizcaíno JM. 2006. Vacunas contra la Influenza Aviar. En Sanz Pérez B. Monografías de la Real Academia Nacional de Farmacia, Monografía XXI. Influenza aviar y Gripe humana de origen aviario. ISBN 84-934430-4-2. Madrid.105-118.
- Sanz B. 2006. Capítulo 1: Influenza de las aves y gripe humana de origen aviar. Visión general. En Sanz Pérez B. Monografías de la Real Academia Nacional de Farmacia, Monografía XXI. Influenza aviar y Gripe humana de origen aviario. ISBN 84-934430-4-2. Madrid
- Sartore S., Bonfanti L., Lorenzetto M., Cecchinato M., Marangon S. The effects of control measures on the economic burden associated with epidemics of avian influenza in Italy. *Poult Sci* 2010. 89:1115-1121.
- Sawabe K., Hoshino K., Isawa H., Sasaki T., Hayashi T., Tsuda Y., Kurahashi H., Tanabayashi K., Hotta A., Saito T., Yamada A., Kobayashi M. 2006. Detection and isolation of highly pathogenic H5N1 avian influenza A viruses from blow flicollected in the vicinity of an infected poultry farm in Kyoto. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 75(2): 327-332.
- Scholtissek C.1985. Stability of infectious influenza A viruses at low pH and at elevated temperature. *Vaccine* 3(3):215-218.
- Selecciones avícolas. 2010. Los sectores del huevo y de la carne de ave en la UE: Situación actual de los mercados y perspectivas. Selecciones Avícolas. Octubre 2010: 27-29. Disponible en <http://www.avicultura.com/selecciones/NASA2010/SA-1010.cfm>.
- Senne D.A., Suarez D.L., Stallnecht D.E., Pedersen J.C., Panigrahy B. 2006. Ecology and epidemiology of avian influenza in North and South America. OIE/FAO international scientific conference on avian influenza. Paris, France. 37-44.
- Senne DA., Holt TJ., Akey BL. 2003. An overview of the 2002outbreak of low pathogenic H7N2 avian influenza in Virginia, WestVirginia and North Carolina. In: Proc. Frontis Workshop on AvianInfluenza: Prevention and Control. Wageningen. The Netherlands. 2003.
- SEO. 2010. Sociedad Española de Ornitología: Disponible en [http://www.seo.org/ibas\\_detalle.cfm?idArticulo=520](http://www.seo.org/ibas_detalle.cfm?idArticulo=520). Último acceso Octubre 2010.
- Shahid MA., Abubakar M., Hameed S., Hassan S. 2009. Avian influenza virus (H5N1); effects of physico-chemical factors on its survival. *Virology Journal* 6(38): 1-6.
- Sharkey KJ., Roger GB., Kenton LM., Susan ER., Christley RM. 2008. Epidemiological consequences of an incursion of highly pathogenic H5N1 avian influenza into the British poultry flock. *Proc. R. Soc. B.* 275:19-28.
- Si Y., Wang T., Skidmore A.K., F. de Boer W., Li L., Prins H.T.H. 2010. Environmental Factors Influencing the Spread of the Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 Virus in wild birds in Europe. *Ecology and Society* 15(3):26.
- Simon A., Doctrinal D., Bicout D. 2006. Risque de contact entre oiseaux sauvages et domestiques dans la région de la Dombes, France. *Epidémiol. et santé anim.* 50:27-39.
- Sims LD., Domenech J., Benigno C., Kahn S., Kamata A. Lubroth J. 2005. Origin and evolution of highly pathogenic H5N1 avian influenza in Asia. *Vet Rec.* 157(6):159-64. 7.
- Śmietanka K., Minta Z., Tomczyk G., Doman'ska-Blicharz K., Bartnicka B., Szewczyk B., Grzywaczewski G. 2005. Prevalence of avian influenza virus infections in poultry and wild birds. *Medycyna Weterynaryjna.* 61(6): 676-679.
- Snow C., Newson SE., Musgrove AJ., Cranswick PA., Crick HQP., Wilesmith JW. 2007. Risk-based surveillance for H5N1 avianinfluenza virus in wild birds in Great Britain. *Veterinary Record.*161:775-781.
- Soares M., Ortiz-Pelaez A., Lan Lai Thi K., Dinh QH., Otte J., Pfeiffer D. 2010. Associations between attributes of live poultry trade and HPAI H5N1 outbreaks: a descriptive and network analysis study in northern Vietnam. *Veterinary Research.* 6:10.

- Songserm T., Jam-on R., Sae-Heng N., Meemak N. 2006: Survival and stability of HPAI H5N1 in different environments and susceptibility to disinfectants. In: Schudel, A. and M. Lombard (eds), *Developments in Biologicals*, Vol.124, 254. Karger, Switzerland.
- Sotillo J.L., Quiles A., Ramírez A.R. 1996. *Producción Animal e Higiene Veterinaria*. Tomos I y II. Ed. ICE Universidad de Murcia y Diego Marín. Murcia.
- Stallknecht DE. y Brown JD. 2009. Tenacity of avian influenza viruses. *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.* 28 (1):59-67.
- Stallknecht DE., Goekjian VH., Wilcox BR., Poulson RL., Brown JD. 2010. Avian Influenza Virus in Aquatic Habitats: What Do We Need to Learn?. *Avian Diseases*. 54:461-465.
- Stegeman A., Bouma A., Elbers A.R., de Jong M.C., Nodelijk G., de Klerk F., Koch G., Van Boven M. 2004. Avian influenza A virus (H7N7) epidemic in The Netherlands in 2003: course of the epidemic and effectiveness of control measures. *J Infect Dis*. 190:2088-2095.
- Stevens KB., Costard S., Métras R., Pfeiffer D. 2009. Mapping the Likelihood of Introduction and Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus H5N1 in Africa, Ghana, Ethiopia, Kenya and Nigeria using Multicriteria Decision Modelling. Royal Veterinary College, London, United Kingdom. April 2009.
- Stevenson MA., Wilesmith JW., Ryan JB., Morris RS., Lawson AB., Pfeiffer DU., Lin D. 2000. Descriptive spatial analysis of the epidemic of bovine spongiform encephalopathy in Great Britain to June 1997. *Veterinary Record*. 147:379-384.
- Sturm-Ramirez KM., Ellis T., Bousfield B., Bissett L., Dyrting K., Rehag JE., Poon L., Guan Y., Peiris M., Webster RG. 2004. Reemerging H5N1 Influenza Viruses in Hong Kong in 2002 Are Highly Pathogenic to Ducks. 2004 *Journal of virology*. 78(9):4892-4901.
- Sturm-Ramirez KM., Hulse-Post DJ., Govorkova EA., Humberd J., Seiler P., Puthavathana P., Buranathai C., Nguyen T. D., Chaisingh A., Long H. T., Naipospos T. S. P., Chen H., Ellis T. M., Guan Y., Peiris P. S. M., Webster R. G. 2005. Are ducks contributing to the endemicity of highly pathogenic H5N1 influenza virus in Asia? *Journal of Virology*. 79:11269-11279.
- Swayne D. E. y Beck J. R. 2005 Experimental study to determine if low-pathogenicity and high pathogenicity avian influenza viruses can be present in chicken breast and thigh meat following intranasal virus inoculation. *Avian Dis*. 49:81-85.
- Swayne D.E. 2007. Understanding the complex pathobiology of high pathogenicity avian influenza viruses in birds. *Avian Diseases*. 51:242-249.
- Swayne DE. y Slemons R.D. 2008. Using mean infectious dose of wild duck- and poultry-origin high- and low-pathogenicity avian influenza viruses as one measure of infectivity and adaptation to poultry. *Avian Dis*. 52: 455-460.
- Swayne, D. E. y Suarez D. L. 2000. Highly pathogenic avian influenza. *Rev. Sci. Tech*. 19:463-482.
- Taylor N. 2003. Review of the use of models in informing disease control policy development and adjustment. DEFRA. School of Agriculture, Policy and Development. The University of Reading Earley Gate.
- Taylor NM., Honhold N., Paterson A.D., Mansley LM. 2004. Risk of foot-and mouth disease associated with proximity in space and time to infected premises and the implications for control policy during the 2001 epidemic in Cumbria. *Veterinary Record* 154:617-626
- Team E. 2007 Two outbreaks of H5N1 avian influenza in farm geese, Hungary, January 2007. Disponible en <http://www.eurosurveillance.org/ew/2007/070215.asp#2>. Último acceso abril 2010.
- Terregino C., De Nardi R., Guberti V., Scremin M., Raffini E., Moreno A., Cattoli G., Bonfanti L., Capua I. 2007: Active surveillance for avian influenza viruses in wild birds and backyard flocks in Northern Italy during 2004 to 2006. *Avian Pathol*. 36:337-344.
- Thomas M.E., Bouma A., Ekker .H. M. Fonken AJM., Stegeman JA., Nielen M. 2005. Risk factors for the introduction of high pathogenicity Avian Influenza virus into poultry farms during the epidemic in the Netherlands in 2003. *Preventive Veterinary Medicine* 69: 1-11.

- Thomas RW. 1990. Spatial epidemiology. Londres: Piñon Ltd. ISBN 13: 9780850861488. 250pp.
- Thrusfield M., Mansley L., Dunlop P., Pawson A., Taylor J. 2005a. The foot and-mouth disease epidemic in Dumfries and Galloway. Serosurveillance, and efficiency and effectiveness of control procedures after the national ban on animal movements. *Veterinary Record* 156:269-278
- Thrusfield M., Mansley L., Dunlop P., Taylor J., Pawson A., Stringer L. 2005b. The foot-and-mouth disease epidemic in Dumfries and Galloway. Characteristics and control. *Veterinary Record* 156:229-252.
- Thrusfield MV., y Gettinby G. 1984. An introduction to techniques of veterinary modelling. Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine. ISBN 0 948073 01 2.
- Tian G., Zhang S., Li Y., Bu Z., Liu P., Zhou J., Li C., Shi J., Yu, K., Chen H. 2005. Protective efficacy in chickens, geese and ducks of an H5N1-inactivated vaccine developed by reverse genetics. *Virology* 341:153-162.
- Tiensin TP., Chaitaweesub T., Songserm A., Chaisingh W., Hoonsuwan C., Buranathai T., Parakamawongsa S., Premashthira A., Amonsin M., Gilbert M., Stegeman A. 2005. Highly pathogenic avian influenza H5N1. Thailand, 2004. *Emerg. Infect. Dis.* 11:1664-1672.
- Tollis M. y Trani D. 2002. Recent developments in avian influenza research: Epidemiology and immunoprophylaxis. *The Veterinary Journal*. 164 (3): 202-215.
- Trock S. y Huntley JP. 2010. Surveillance and Control of Avian Influenza in the New York Live Bird Markets. *Avian diseases* 54:340-344.
- Unep. 2007. Avian Influenza and the Environment: An Ecohealth Perspective A Report Submitted to UNEP Prepared by David J. Rapport, EcoHealth Consulting ([www.ecohealthconsulting.com](http://www.ecohealthconsulting.com)) with contributions from John Howard, Luisa Maffi and Bruce Mitchell.
- Utterback, W. 1984. Update on avian influenza through February 21, 1984 in Pennsylvania and Virginia. Proceedings of the 33rd Western Poultry Disease Conference. University of California, Davis, CA. 4-7.
- Van den Berg T., y Houdart P. 2008. Avian Influenza Outbreak Management: Action at Time of Confirmation, Depopulation and Disposal Methods; the 'Belgian Experience' during the H7N7 Highly Pathogenic Avian Influenza Epidemic in 2003. *Zoonoses Public Health*. 55: 54-64.
- Van der Goot J. A., de Jong M. C. M., Koch G., van Boven M. 2003 Comparison of the transmission characteristics of low and high pathogenicity avian influenza A virus (H5N2). *Epidemiol. Infect.* 131:1003-1013.
- Vandendriessche Y., Gellynck X., Saatkamp H., Viaene J. 2009. Strategies to control high pathogenic avian influenza (hpa) in the Belgian poultry sector. *Biotechnology in Animal Husbandry* 25 (5-6):373-385.
- Veen J., Brouwer J., Atkinson P., Bilgin C., Blew J., Eksioy S., Hoffmann M., Nardelli R., Spina F., Tendi C., Delany S. 2007. Ornithological data relevant to the spread of Avian Influenza in Europe (phase 2): further identification and first field assessment of Higher Risk Species. Wetlands International, Wageningen, The Netherlands.
- Voogd H. 1983. Multicriteria Evaluation for Urban and Regional planning. London. Pion.
- Ward M. P., Maftai D., Apostu C., Suru A. 2009a. Estimation of the basic reproductive number (R0) for epidemic, highly pathogenic avian influenza subtype H5N1 spread. *Epidemiol. Infect.* 137:219-226.
- Ward M.P., Maftai D.N., Apostu C.L., Suru A.R. 2009b. Association Between Outbreaks of Highly Pathogenic Avian Influenza Subtype H5N1 and Migratory Waterfowl (Family Anatidae). Populations. *Zoonoses and Public Health*. 56(1):1-9.
- Ward MP., Maftai DN., Apostu C. L., Suru A. R. 2008. Environmental and anthropogenic risk factors for highly pathogenic avian influenza subtype H5N1 outbreaks in Romania, 2005-2006. *Vet. Res. Commun.* 32:627-634.

- Wasserman S y Faust K.1994. Social network analysis: methods and applications. Cambridge University Press (Cambridge).
- Webster R. G., Hulse-Post D. J., Sturm-Ramirez K. M., Guan Y., Peiris M., Smith G. y Chen H. 2007. Changing Epidemiology and Ecology of Highly Pathogenic Avian H5N1 Influenza Viruses. *Avian Diseases*. 51 (Issue s1): 269-272.
- Webster R.G., Bean W.J., Gorman O.T., Chambers T.M., Kawaoka Y. 1992. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiology Reviews*, 56: 152-179.
- Webster RG, Peiris M, Chen H., Guan Y. 2006. H5N1 outbreaks and enzootic influenza. *Emerg Infect Dis*. 12(1):3-8.
- Wilkinson K.G. 2007. The biosecurity of on-farm mortality composting. *J. Appl. Microbiol*. 102: 609-618.
- Willeberg P., Perez P., Thurmond M., Ascher M., Carpenter T., AlKhamis M. 2010. Visualization and Analysis of the Danish 2006 Highly Pathogenic Avian Influenza Virus H5N1 Wild Bird Surveillance Data by a Prototype Avian Influenza BioPortal. *Avian Diseases* 54(s1):433-439.
- Wingfield A., Miller H., Honhold N. 2006. FMD control strategies. *Veterinary Record*.158:706-707.
- Xu K.M., Li K.S., Smith G.J., Li J.W., Tai H., Zhang J.X., Webster R.G., Peiris J.S., Chen H., Guan Y., 2007. Evolution and molecular epidemiology of H9N2 influenza A viruses from quail in southern China, 2000–2005. *J. Virol*. 81:2635–2645.
- Xu X., Subbarao K., Cox N.J., Guo Y. 1999. Genetic characterization of the pathogenic influenza A/Goose/Guangdong/1/96 (H5N1) virus: similarity of its hemagglutinin gene to those of H5N1 viruses from the 1997 outbreaks in Hong Kong. *Virology*. 261(1):15-19.
- Yee K., Carpenter T., Cardona C. 2008. Epidemiology of H5N1 avian influenza. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*. 32: 325–340.
- Yoon H., Wee S., Stevenson M., O'leary B., Morris R., Hwang I. Park C., Stern M. 2006. Simulation analyses to evaluate alternative control strategies for the 2002 foot-and-mouth disease outbreak in the Republic of Korea. *Preventive Veterinary Medicine*. 74:212-225.
- Yu Z., Song Y., Zhou H., Xu X., Hu Q., Wu H., Zhang A., Zhou Y., Chen J., Dan H., Luo Q., Li X., Chen H., Jin M. 2007. Avian Influenza (H5N1) Virus in Waterfowl and Chickens, Central China *Emerging Infectious Diseases*.13(5):772-775.
- Yu-Hsin N. 2006. Epidemiological Studies of Avian influenza Viruses in Hong Kong Tesis doctoral presentada por la Universidad de Massey (Nueva Zelanda).
- Zhou, J.Y., Shen, H.G., Chen, H.X., Tong, G.Z., Liao, M, Yang, H.C., Liu, J.X. 2006. Characterization of a highly pathogenic H5N1 influenza virus derived from bar-headed geese in China. *Journal of General Virology*. 87:1823-1833.



ANEXOS

---





## 9. ANEXOS

### Anexo I: Encuesta de bioseguridad en broilers

#### PROTOCOLO ORIENTATIVO DE VERIFICACIÓN DE LAS MEDIDAS

#### DE BIOSEGURIDAD EN EXPLOTACIONES AVICOLAS DE CARNE

ESPECIE: BROILERS : *Gallus gallus*

VETERINARIO: \_\_\_\_\_ N° Encuesta: \_\_\_\_\_/\_\_\_\_\_

\*DATOS GENERALES DE LA EXPLOTACIÓN: N° CÓDIGO DE EXPLOTACIÓN (ES+12dígitos) \_\_\_\_\_

IDENTIFICACIÓN DE LA NAVE/MANADA: \_\_\_\_\_

#### LOCALIZACIÓN DE LA EXPLOTACIÓN:

- (Parcela-polígono- municipio-provincia) : \_\_\_\_\_/\_\_\_\_\_/\_\_\_\_\_/\_\_\_\_\_ ó
- Coordenadas de geolocalización (REGA): \_\_\_\_\_

DATOS DEL TITULAR: NOMBRE/RAZÓN SOCIAL \_\_\_\_\_-

NIF/CIF \_\_\_\_\_

DIRECCIÓN (a efectos de notificaciones-contacto)

\_\_\_\_\_

TÉLFONOS DE CONTACTO: Fijo: \_\_\_\_\_ Móvil \_\_\_\_\_

ESTADO PRODUCTIVO	Número de semanas de producción
Ciclo completo: <input type="checkbox"/> Recría de pollo de engorde: <input type="checkbox"/>	

#### CENSO DE LA EXPLOTACIÓN (COMPLETA)

Capacidad Máxima Autorizada/Registrada	Número manadas/naves	Censo real (en momento actual)

Número de animales de esta manada:

#### SISTEMA DE CRÍA:

INTENSIVO		EXTENSIVO	
-----------	--	-----------	--

#### FECHA DE REALIZACIÓN:

Titular o responsable (cargo) presente durante la verificación:

	Si	No	Deficiente	Puntuación
<b>1. MEDIDAS GENERALES DE BIOSEGURIDAD</b>				
a) Vallado perimetral y puerta de entrada (3)				
b) Vado de desinfección, arco de desinfección o equipo sustitutivo a la entrada de la explotación (1)				
c) Documentos de control periódico del mantenimiento y funcionamiento (1)				
<b>d) **No acceso al agua de aves silvestres y otros animales (x0 ó x1)</b>				
<b>e) Mantenimiento de instalaciones:</b>				
• Ausencia de malas hierbas en el entorno de las naves (1)				
• Perímetro de la nave en buen estado de conservación y limpieza (1)				
• Limpieza y conservación exterior de la propia nave (1)				
<b>f) Agua de bebida</b>				
• Proviene de la red municipal, o sufre cloración o tratamiento equivalente (1)				
• Existencia de análisis de agua periódicos y documentados (1)				
<b>g) Funcionan adecuadamente las instalaciones de estanqueidad:</b>				
• <b>** Ventanas (x0 ó x1)</b>				
• <b>** Tela pajarera (x0 ó x1)</b>				
• Persianas de ventiladores (1)				
• Puertas de acceso cerradas (2)				
• Otros accesos (1)				
<b>h)** Hay un sistema adecuado de eliminación de cadáveres (x0 ó x1)</b>				
<b>i) Control de acceso de visitas a las naves de engorde:</b>				
• Libro de visitas debidamente cumplimentado (1)				
• Acceso con vestimenta y equipos adecuados y limpios (1)				
• Ropa de trabajo para el personal, en buen estado de conservación y limpieza y personal aseado (1)				
• Acceso a las naves mediante pediluvio/bandejas de desinfección a la entrada (1)				
<b>j) Los operarios están técnicamente formado para su cometido, o existe un protocolo de trabajo por escrito (2)</b>				
<b>2.- ABASTECIMIENTO DE POLLITOS</b>				
• <b>** Documentos sanitarios de movimiento oficial (x0 ó x1)</b>				
• <b>** Certificado de programa de control sanitario de los reproductores origen de la manada (x0 ó x1)</b>				
• Análisis de <i>Salmonella</i> a la llegada de los pollos (6)				
• Certificado de control de <i>Salmonella</i> de cada lote en la sala de incubación (3)				

<ul style="list-style-type: none"> <li><b>**Se hacen controles periódicos de salmonelosis durante el engorde/ fase de producción, y se conservan los resultados de los análisis (autocontroles) (x0 ó x1)</b></li> </ul>				
<b>3.- PROTOCOLO DE CONTROL DE PIENSOS</b>				
a) Los silos de pienso están cerrados (2)				
b) Se realiza control de la contaminación a través del pienso (documentado):				
<ul style="list-style-type: none"> <li>Certificados de análisis periódicos del proveedor para detectar presencia de <i>Salmonella</i> (3)</li> </ul>				
<ul style="list-style-type: none"> <li>Existe certificado del proveedor de piensos de que se emplean aditivos autorizados (acidificantes ...) en el pienso (3)</li> </ul>				
<ul style="list-style-type: none"> <li>Existe certificado del proveedor de piensos de que en su fabricación se aplica tratamiento térmico adecuado (4)</li> </ul>				
<b>4.- PROTOCOLO DE LIMPIEZA, DESINFECCIÓN y DESINSECTACIÓN</b>				
a) Existe y está documentado mediante los registros correspondientes un programa de limpieza, desinfección y desinsectación de las instalaciones (4)				
b) <b>** Se realizan y documentan existencia de análisis de eficacia del sistema de limpieza y desinfección (x0 ó x1)</b>				
c) Los operarios conocen el procedimiento (y están formados para aplicarlo) (4)				
d) <b>** Se respeta el período de vacío sanitario por un tiempo mínimo de 12 días (7 días si demuestra eficacia L+D) (x0 ó x1)</b>				
e) Existe y está documentado un protocolo de limpieza y desinfección del utillaje y vehículos utilizados en la explotación (4)				
<b>5.- PROTOCOLO DE CONTROL DE ROEDORES Y OTROS ANIMALES</b>				
a) Existe un plan de desratización documentado mediante los registros correspondientes y los utensilios y productos para llevarlo a cabo				
<ul style="list-style-type: none"> <li>Por medios propios (5)</li> </ul>				
<ul style="list-style-type: none"> <li>Mediante empresas capacitadas (7)</li> </ul>				
b) No existen agujeros en las instalaciones que permitan la entrada de roedores (6)				
c) Los perros y gatos están controlados (no acceso a la nave) (3)				
<b>6.- PROTOCOLO DE CONTROL DE USO DE MEDICAMENTOS VETERINARIOS</b>				
a) <b>**Existe y está puesto al día el Libro de Registro de Medicamentos de la explotación (x0 ó x1)</b>				
<b>7.- SUPERVISION VETERINARIA</b>				
a) Existe un veterinario responsable de la supervisión de la explotación que efectúa visitas y controles periódicos que quedan registrados (5)				
<b>8.- PRACTICAS DE MANEJO</b>				
a) <b>Sistema de manejo todo dentro-todo fuera (naves unilote) (x0 ó x1))</b>				
b) Existe un Código de Buenas Prácticas de Higiene y se está aplicando de forma adecuada (2)				

PUNTUACION OBTENIDA

**\*\* Requisitos que se consideran de especial importancia para la higiene de la explotación**

## Anexo II: Publicaciones y congresos relacionados con la tesis

### Publicaciones relacionadas con la tesis

Iglesias, I., Pérez, AM., Sánchez-Vizcaíno JM., Muñoz MJ., Martínez, M., De la Torre, A. 2011. Reproductive ratio for the local spread of highly pathogenic avian influenza in wild bird populations of Europe in 2005-2008. *Epidemiology and Infection*. 139: 99-104.

*Epidemiol. Infect.*, Page 1 of 6. © Cambridge University Press 2010  
doi:10.1017/S0950268810001330

#### Reproductive ratio for the local spread of highly pathogenic avian influenza in wild bird populations of Europe, 2005–2008

I. IGLESIAS<sup>1\*</sup>, A. M. PEREZ<sup>2</sup>, J. M. SÁNCHEZ-VIZCAÍNO<sup>3</sup>, M. J. MUÑOZ<sup>1</sup>,  
M. MARTÍNEZ<sup>1,3</sup> AND A. DE LA TORRE<sup>1</sup>

<sup>1</sup> *Epidemiology and Environmental Health Department, Animal Health Research Centre (CISA-INIA), Valdeolmos, Madrid, Spain*

<sup>2</sup> *University of California, Davis, USA; and CONICET – Facultad de Ciencias Veterinarias UNR, Argentina*

<sup>3</sup> *Animal Health Department, University Complutense of Madrid, Madrid, Spain*

(Accepted 14 May 2010)

#### SUMMARY

Highly pathogenic avian influenza (HPAI) has devastating consequences for the poultry industry of affected countries. Control of HPAI has been impaired by the role of wildlife species that act as disease reservoirs and a potential source of infection for domestic populations. The reproductive ratio ( $R_0$ ) of HPAI was quantified in nine clusters of outbreaks detected in wild birds in Europe (2005–2008) for which population data were not available. The median value of  $R_0$  was similar (1·1–3·4) for the nine clusters and it was about tenfold smaller than the value estimated for poultry in The Netherlands in 2003. Results presented here will be useful to parameterize models for spread of HPAI in wild birds and to design effective prevention programmes for the European poultry sector. The method is suitable to estimate  $R_0$  in the absence of population data, which is a condition typically observed for many wildlife and certain domestic species and systems.

**Key words:** Avian influenza, Europe, reproductive ratio, wild birds.

#### INTRODUCTION

Highly pathogenic avian influenza virus (HPAIV) strains have devastating consequences for poultry flocks because of their high transmissibility and high mortality rates [1]. Epidemics of H7 HPAIV that affected the poultry industries in The Netherlands (2003) and Italy (2000) were probably the result of the introduction of H7 low pathogenic avian influenza (AI) strains from wild birds, as suggested by the simultaneous circulation of closely related H7 subtypes in

wild birds and poultry [2–4]. Wild birds have also played a major role in the rapid spread of H5N1 HPAIV throughout the world since 2005, which has resulted in >60 countries being affected and the death of millions of domestic poultry and >10 200 wild birds in Central Asia, the Middle East, Europe, and Africa [5, 6]. In an attempt to achieve early detection of future HPAIV incursions, research efforts in Europe were aimed at improving the sensitivity of surveillance measures in wildlife populations, e.g. towards the identification of environmental risk factors and new sentinel species [7, 8] or the evaluation of surveillance systems and sampling efforts [9, 10]. However, those efforts have been impaired by the lack of knowledge on critical aspects of the epidemiology of HPAIV transmission in wild birds that are yet to be

\* Author for correspondence: Ms. I. Iglesias, Epidemiology and Environmental Health Department, Animal Health Research Centre (CISA), Ctra. Algete a El Casar s/n, 28130, Valdeolmos, Madrid, Spain.  
(Email: iglesias@inia.es)

Martínez, M; Pérez AM; de la Torre, A; Iglesias, I; Sánchez-Vizcaíno, J.M., Muñoz, M.J. 2011. Evaluating surveillance in wild birds by the application of risk assessment of avian influenza introduction into Spain. *Epidemiology and infection*. 139:91-98.

*Epidemiol. Infect.* (2011), 139, 91–98. © Cambridge University Press 2010  
doi:10.1017/S0950268810001287

## SHORT REPORT

### Evaluating surveillance in wild birds by the application of risk assessment of avian influenza introduction into Spain

M. MARTINEZ<sup>1,2\*</sup>, A. M. PEREZ<sup>3</sup>, A. DE LA TORRE<sup>1</sup>, I. IGLESIAS<sup>1</sup>,  
J. M. SÁNCHEZ-VIZCAÍNO<sup>1</sup> AND M. J. MUÑOZ<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigación en Sanidad Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (CISA-INIA), Valdeolmos, Madrid, Spain

<sup>2</sup> Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Spain

<sup>3</sup> University of California, Davis, CA, USA

(Accepted 13 May 2010; first published online 7 June 2010)

#### SUMMARY

Early detection of highly pathogenic avian influenza (HPAI) in its natural reservoirs is a prerequisite for preventing disease spread to humans. The risk of introduction of H5N1 HPAI was assessed in order to design a risk-based surveillance system in Spain. Areas at highest risk for H5N1 HPAI followed a northeast–southwest direction, with two significant clusters located in the north and the southwest of the country. Most (83 %) of the veterinary units (VUs) obtained fewer samples than would have been expected if samples had been collected using a risk-based design. In October 2009, a HPAI outbreak was reported for the first time in a Spanish layer farm located in a VU at high risk for HPAI, but no samples were collected. This risk-based surveillance approach will increase the cost-effectiveness of HPAI surveillance in Spain and can be easily extended to and adopted by other countries and regions throughout the world.

**Key words:** Avian flu, risk assessment, spatial modelling, surveillance system, veterinary epidemiology.

Surveillance efforts aimed at early detection of avian influenza (AI) in wild birds has markedly increased in the European Union (EU) since the emergence of the Asiatic H5N1 highly pathogenic (HP) AI virus (AIV) strain in 2005. In addition to the severe economic losses that HPAI infection inflicts on commercial and non-commercial poultry industries in affected regions, its zoonotic potential, plus fears that the disease may lead to a pandemic in humans triggered a social alarm that has probably influenced the large number of samples collected throughout the EU in wild birds [1].

A number of routes of entry have been proposed or described for AIV, including the trade of asymptomatic domestic ducks [2, 3], importation of infected meat [4, 5], and illegal introduction of captive birds [6]. However, during 2005–2008 almost half of the H5N1 HPAI-infected European countries reported initial outbreaks in wildlife with no further outbreaks recorded in poultry. Moreover, the risk of introduction of HPAI into Spain through the legal importation of poultry has been estimated as negligible [7]. For those reasons and although other routes of entry should be considered when designing a broad surveillance programme for AI, it is likely that the risk of HPAI epidemics in Spain is mostly influenced by the probability of introduction of AI-infected wild birds.

\* Author for correspondence: M. Martínez, Centro de Investigación en Sanidad Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (CISA-INIA), Carretera de Algete a El Casar, s/n, 28130, Valdeolmos, Madrid, Spain.  
(Email: marta@sanidadanimal.info)

Iglesias, I., Pérez, A.M., De la Torre, A., Muñoz, M.J., Martínez, M., Sánchez-Vizcaíno, J. M. 2010. Identifying areas for infectious animal disease surveillance in the absence of population data: highly pathogenic avian influenza in wild bird populations of Europe. *Preventive Veterinary Medicine* 96 (2010) 1–8.

Preventive Veterinary Medicine 96 (2010) 1–8



Contents lists available at ScienceDirect

Preventive Veterinary Medicine

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/prevetmed](http://www.elsevier.com/locate/prevetmed)



## Review

# Identifying areas for infectious animal disease surveillance in the absence of population data: Highly pathogenic avian influenza in wild bird populations of Europe

I. Iglesias<sup>a,\*</sup>, A.M. Perez<sup>b,c</sup>, A. De la Torre<sup>a</sup>, M.J. Muñoz<sup>a</sup>, M. Martínez<sup>a,d</sup>, J.M. Sánchez-Vizcaíno<sup>d</sup>

<sup>a</sup> Epidemiology & Environmental Health Department, Animal Health Research Center (CISA), Ctra. Algete a El Casar s/n, 28130 Valdeolmos, Madrid, Spain

<sup>b</sup> Center for Animal Disease Modeling and Surveillance, VM: Medicine and Epidemiology, UC Davis, One Shields Avenue, Davis, CA 95616, USA

<sup>c</sup> CONICET – Facultad de Ciencias Veterinarias UNR, Argentina

<sup>d</sup> Animal Health Department, Complutense University of Madrid, Av. Puerta de Hierro s/n, 28040 Madrid, Spain

## ARTICLE INFO

### Article history:

Received 15 July 2009

Received in revised form 4 December 2009

Accepted 1 May 2010

### Keywords:

Time–space clustering

Surveillance

Avian influenza

Wild birds

Risk areas

## ABSTRACT

A large number ( $n=591$ ) of H5N1 highly pathogenic avian influenza virus (HPAIV) outbreaks have been reported in wild birds of Europe from October 2005 through January 2009. Consequently, prevention and control strategies have been implemented in response to the outbreaks and considerable discussion has taken place regarding the need for implementing surveillance programs in high-risk areas with the objective of early detecting and preventing HPAIV epidemics. However countries ability to define the temporal and spatial extension of the high risk areas has been impaired by the lack of information on the distribution of susceptible wild bird populations in the region. Here, a technique for the detection of time–space disease clustering that does not require information on the distribution of susceptible populations and that has been referred to as the time–space permutation model of the scan statistic was used to identify areas and times of the year in which epidemics of H5N1 HPAIV were most likely to occur in wild bird populations of Europe from October, 2005, through December, 2008. The scan statistic was parameterized considering pre-existing knowledge on the epidemiological and ecological characteristics of the disease in the region. Robustness of the results was assessed using a generalized linear regression model to compare the outcomes of 36 alternative parameterizations of the scan statistic. Ten significant time–space clusters of H5N1 HPAI outbreaks were detected in six European countries. Results were sensitive ( $P<0.05$ ) to the definition of the maximum spatial size defined for the clusters. Results presented here will help to identify high risk areas for HPAIV surveillance in the European Union. Assumptions, results, and implications of the analytical model are extensively presented and discussed in order to facilitate the use of this approach for the identification of high risk areas for infectious animal disease surveillance in the absence of population data.

© 2010 Elsevier B.V. All rights reserved.

## 1. Introduction

Since first detected in 1996 in China (Li et al., 2004), an emerging strain of H5N1 highly pathogenic avian influenza

(H5N1 HPAI) virus has spread nearly worldwide, affecting susceptible poultry and wild bird populations and resulting in significant economic losses for infected countries and regions. In Europe, the disease has been reported in 25 countries since 2005 (Alexander and Brown, 2009). Migration of infected wild birds is one of the mechanisms for spread of HPAI (Keawcharoen et al., 2008). Although AI typically courses as an asymptomatic infection in wild

\* Corresponding author. Tel.: +34 916202300; fax: +34 916202247.  
E-mail addresses: [iglesias@inia.es](mailto:iglesias@inia.es), [irene.iglesias@yahoo.es](mailto:irene.iglesias@yahoo.es) (I. Iglesias).



Iglesias, I; Muñoz MJ; Martínez, M; de la Torre, A. 2010. Environmental factors associated with high risk for H5N1 HPAI in Ramsar wetlands of Europe. *Avian Diseases* 54:814–820, 2010.

AVIAN DISEASES 54:814–820, 2010

## Environmental Risk Factors Associated with H5N1 HPAI in Ramsar Wetlands of Europe

Irene Iglesias,<sup>A</sup> M<sup>a</sup>. Jesús Muñoz,<sup>A</sup> Marta Martínez,<sup>AB</sup> and Ana de la Torre<sup>AC</sup>

<sup>A</sup>CISA-INIA, Centro de Investigación en Sanidad Animal, Departamento de Epidemiología y Sanidad Ambiental, Carretera de Algete a El Casar s/n 28130 Valdeolmos, Madrid, Spain

<sup>B</sup>Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avenida Puerta de Hierro s/n 28040 Madrid, Spain

Received 1 July 2009; Accepted and published ahead of print 28 November 2009

**SUMMARY.** The objective of this study was to identify environmental characteristics of European Ramsar wetlands, which are natural habitats for waterbirds, that could have contributed as risk factors for H5N1 HPAI (highly pathogenic avian influenza) in water birds (2006–2009). Ramsar wetlands in which H5N1 outbreaks were reported were considered infected (positive), and a case-control study was conducted using a logistic regression model in order to identify environmental risk factors associated with disease. *Forestry* (odds ratio, OR = 6.90) and *important area for water birds with mikosaline water* (OR = 6.31), as well as *distance to the nearest positive wetland* (OR = 0.66), which was included into the model to adjust for spatial dependence, were associated with status of the wetlands. The model was used to estimate the risk for H5N1 HPAI on each European Ramsar wetland. Results will help to identify wetlands at high risk for H5N1 HPAI infection, wetlands that could be selectively targeted as part of a surveillance program aimed at early detection and prevention of future H5N1 HPAI epidemics.

**RESUMEN.** Factores de riesgo ambientales asociados con el virus de la influenza aviar de alta patogenicidad H5N1 en los humedales Ramsar en Europa.

El objetivo de este estudio fue identificar las características ambientales de los humedales Ramsar europeos que podrían haber desempeñado un papel como factores de riesgo para la presentación de la influenza aviar de alta patogenicidad subtipo H5N1 en aves acuáticas entre los años 2006 al 2009. Los humedales Ramsar en donde han sido notificados brotes de la enfermedad se han considerado infectados (positivos). Se ha realizado un estudio de casos-control mediante un modelo de regresión logística para la identificación de los factores de riesgo medioambientales asociados con la enfermedad. *Área forestal* (Oportunidad relativa, OR = 6.90), *el área importante para aves acuáticas con agua mikosalina* (OR = 6.31), y la *distancia más cercana al humedal positivo* (OR = 0.66) (incluida como variable dependiente en el modelo para controlar la asociación espacial) resultaron asociados al estado del humedal (positivo/negativo). Este modelo permitió estimar el valor de riesgo de cada uno de los humedales Ramsar europeos. Los resultados obtenidos pueden ayudar a la identificación de los humedales de mayor riesgo para la influenza aviar H5N1, que podrían ser seleccionados de una manera más precisa en los programas de vigilancia destinados a una detección precoz y a la prevención de futuras epidemias del subtipo H5N1 de esta enfermedad.

Key words: avian influenza, H5N1, Ramsar wetlands, environmental risk factors

Abbreviations: AI = avian influenza; HPAI = highly pathogenic avian influenza; IBA = important bird area; L-R = logistic regression; OIE = World Organisation for Animal Health; ROC = receiver operating characteristic

Avian influenza (AI) caused by the highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1 pathotype virus (H5N1 HPAI) has spread rapidly throughout the world since 2005, affecting more than 60 countries and causing death to millions of domestic poultry and to more than 10,200 wild birds (25) in Central Asia (7), the Middle East (3), Europe (15), and Africa (11).

Wild bird species, and specifically water birds (34), are traditionally considered the natural host for many AI viruses (41), and they can be infected by all HPAI subtypes with few or no signs of disease (37). In the most recent H5N1 HPAI outbreaks, however, a large number of wild birds have been clinically affected. The first major H5N1 HPAI outbreak in wild birds was reported in the natural reserve of the Qinghai Lake area (China) in May and June, 2005. The outbreak resulted in more than 6000 birds being affected and caused a major reduction in the size of the natural population, especially of the bar-headed goose (*Anser indicus*), which decreased by 10% (13).

During the second half of 2005, the H5N1 HPAI virus spread rapidly from central Asia to Eastern Europe. Initial spread of the

virus was consistent with the spatial and temporal pattern of Anatidae (duck, goose, swan) migrations from the wetland areas of the Western Siberian Lowlands to the Black Sea basin. Wild birds within Europe, particularly water birds, were also suspected to play a major role in the spread of the disease (16). This assumption was based on the observation that outbreaks were mainly reported in areas that either had no previous records of presence of the virus, or in areas in which the virus had not been detected among closely surveyed poultry (23).

Most of the outbreaks reported in wild birds between January 2006 and January 2009 affected mostly water birds of the Anseriformes and Charadriiformes orders (26). Wetlands, which are the natural habitat for water birds, have been considered a key factor in the spread of the disease for two main reasons. First, infected water is known to be a mechanism for fecal-oral transmission of the virus within wild aquatic bird populations (5). Moreover, AI virus survival is enhanced in aquatic environments (40). Under experimental conditions, AI virus survival is inversely proportional to the temperature and salinity of the water (5,6), to the number of hours of sunlight exposure (33), and to the amount of dissolved organic matter (36). The AI virus has been isolated from surface waters of lakes in Canada, the United States, and Eurasia

<sup>C</sup>Corresponding author. E-mail: torre@inia.es



Iglesias, I; Martínez, M; De la Torre, A; Muñoz MJ y Sánchez-Vizcaíno, JM. 2010. First case of highly pathogenic avian influenza in poultry in Spain. Transboundary and emerging diseases. 57, Issue 4, pages .

1 SHORT COMMUNICATION  
2  
3 **First Case of Highly Pathogenic Avian Influenza in Poultry in**  
4 **Spain**

5 I. Iglesias<sup>1</sup>, M. Martínez<sup>1,2</sup>, M. J. Muñoz<sup>1</sup>, A. de la Torre<sup>1</sup> and J. M. Sánchez-Vizcaíno<sup>2</sup>  
6  
7 <sup>1</sup> Centro de Investigación en Sanidad Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (CISA-INIA),  
8 Carretera de Algete a El Casar, Valdeolmos, Madrid, Spain  
9 <sup>2</sup> Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro,  
10 Madrid, Spain

11  
12  
13  
14  
15  
16 **Keywords:**  
17 2 XXXXX; XXXXX; XXXXX; XXXXX; XXXXX  
18  
19 **Correspondence:**  
20 I. Iglesias. Centro de Investigación en Sanidad  
21 Animal, Instituto Nacional de Investigación y  
22 Tecnología Agraria y Alimentaria (CISA-INIA),  
23 Carretera de Algete a El Casar, 28130,  
24 Valdeolmos, Madrid, Spain. Tel.: +34 91 394  
25 37 02; Fax: +34 91 3943908; E-mail:  
26 i.iglesias@inia.es

27 Received for publication December 17, 2009  
28  
29 doi:10.1111/j.1865-1682.2010.01145.x  
30

31 **Summary**  
32  
33 In October 2009, highly pathogenic avian influenza virus (HPAIV) was iso-  
34 lated for the first time in poultry in Spain. Sequencing analysis revealed that it  
35 was an H7N7 HPAIV. The progenitors of H7 HPAIV strains involved in  
36 recent European poultry outbreaks were simultaneously circulating in wild  
37 birds. The infected Spanish farm is located close to a reservoir abundant in  
38 wild birds. Epidemiological investigation found no links to other poultry hold-  
39 ings and those located in the control area were negative for AIV. Previous spa-  
40 tial risk analyses had identified the area where the infected holding is located  
41 to bear high relative risk for the introduction and presence of H5N1 HPAIV  
42 by wild birds. We suggest a risk-based surveillance scheme that targets smaller  
43 geographical units but maintains the number of wild birds being sampled, as  
44 early detection of potentially pathogenic AIV is crucial in preventing spread to  
45 poultry.

46 The first case of highly pathogenic avian influenza  
47 (HPAI) ever reported in poultry in Spain was discovered  
48 in a layer hen farm in the village of Almoguera on the  
49 11th of October 2009 (OIE 2009). Almoguera is located  
50 in the high-density central province of Guadalajara (1605  
51 layers/km<sup>2</sup>), holding approximately 6% of the total layer  
52 census in Spain (Fig. 1). Within Guadalajara, Almoguera  
53 is the municipality with the highest number of layers  
54 (21 164 layers/km<sup>2</sup>). The affected farm had 306 640 birds  
55 distributed in five flocks: four production houses in close  
56 proximity and a breeding house further apart (Fig. 1).  
57 The outbreak began on the 5th of October 2009, when  
58 severe clinical lesions compatible with either Newcastle  
59 disease or avian influenza were noticed by the farm veter-  
60 inarian. This, together with an increase in mortality rate  
61 and a drop in egg production occurred between the initial  
62 onset of clinical signs and day 4 in two of the flocks of  
63 the production houses. Mortality reached 70% in the  
64 most affected production house (Cortes de Castilla La  
65 Mancha, 2009). The farm was quarantined, and samples  
66 were sent to the National Reference Laboratory (Central

67 Veterinary Laboratory, Algete). Within 24 h, subtype H7  
68 was confirmed by real-time PCR (RRT-PCR) to detect  
69 simultaneously H5, H7 and H9 subtypes (Monne et al.,  
70 2008).  
71 The entire farm was depopulated and hygienic destruc-  
72 tion of eggs, feed and manure was carried out as estab-  
73 lished by the Council Directive 2005/94/CE between the  
74 12th and 14th October. 'Forward' and 'backward' epi-  
75 demiological investigations were also carried out to locate  
76 eggs produced by the affected farm during the incubation  
77 period and to identify suspicious movements before the  
78 incubation period to the affected farm. Zoning was  
79 applied by the establishment of three control radii: up to  
80 3 km ('protection zone', PZ), from 3–10 km ('surveillance  
81 zone', SZ) and from 10–12 km (2nd SZ). The mandatory  
82 pre-emptive slaughter in a 1-km radius was not per-  
83 formed as there were no premises in this area. A total of  
84 13 avian premises were identified within the PZ and SZs,  
85 with more than 3.5 million birds (all layers and chicks)  
86 (Cortes de Castilla La Mancha, 2009) (Fig. 1). A standstill  
87 on the movement of animals and eggs was imposed on

© 2010 Blackwell Verlag GmbH • Transboundary and Emerging Diseases

T	B	E	D	1	1	4	5	B	Dispatch: 17.5.10	Journal: TBED	CE: Vineth Kumar
Journal Name				Manuscript No.				Author Received:	No. of pages: 4	PE: Ramya	

Martínez, M; Muñoz, M.J; de la Torre, A; Iglesias, I; Peris, S; Infante O, Sánchez-Vizcaíno, J.M. 2009. Risk of introduction of H5N1 HPAI from Europe to España by wild water birds in autumn. *Transboundary and emerging diseases* .56 (3):86-98.

Transboundary and Emerging Diseases

## ORIGINAL ARTICLE

# Risk of Introduction of H5N1 HPAI from Europe to Spain by Wild Water Birds in Autumn

M. Martínez<sup>1</sup>, M. J. Muñoz<sup>1</sup>, A. De La Torre<sup>1</sup>, I. Iglesias<sup>1</sup>, S. Peris<sup>2</sup>, O. Infante<sup>3</sup> and J. M. Sanchez-Vizcaino<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigación en Sanidad Animal, CISA/MNIA, Valdeolmos, Madrid, Spain

<sup>2</sup> Departamento de Zoología, Facultad de Biología, Universidad de Salamanca, Salamanca, Spain

<sup>3</sup> Conservación de Espacios, Sociedad Española de Ornitología/BirdLife, C/Melquiades Biencinto, Madrid, Spain

<sup>4</sup> Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain

### Keywords:

Avian influenza; risk assessment; birds; wetlands; poultry

### Correspondence:

J. M. Sanchez-Vizcaino. Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avenida Puerta de Hierro s/n 28040 Madrid (Spain). Tel.: +34 91 394 40 82; Fax: +34 91 394 39 08; E-mail: jmvizcaino@vet.ucm.es

Received for publication August 19, 2008

doi:10.1111/j.1865-1682.2008.01062.x

### Summary

Highly pathogenic avian influenza (HPAI) subtype H5N1 continues to circulate across Eurasia and Africa since its unprecedented rapid spread in 2005. Diffusion by wild bird movements has been evidenced in the European Union in 2006 and 2007. Spain is an important wintering quarter for aquatic birds from northern latitudes, so identifying the critical areas and species where an outbreak is prone to happen is necessary. This work presents an assessment of the risk of introduction of H5N1 HPAI in Spain by aquatic wild birds estimating a relative risk value per province. For this purpose, an assessment of the release and exposure to the risk of infection with H5N1 HPAI of 25 selected water bird species has been carried out. Parameters considered in the assessment include H5N1 HPAI notifications from 2006 to 2008 and factors that favour the occurrence or persistence of H5N1 HPAI (wetlands' surface, low temperatures), together with aquatic wild birds' movements parameters (departure, destination, stop-overs, abundance) and parameters relative to the susceptible population in Spain: poultry density and wild aquatic abundance. Results show the relative risk for each Spanish province of experiencing H5N1 HPAI introduced by wild aquatic birds helping to identify higher risk areas.

### Introduction

The H5N1 highly pathogenic avian influenza (HPAI) epidemic has its origin in the South East of Asia, where it is endemic (Webster et al., 2006). The rapid spread since 2005 through Asia, Europe and Africa and the ascertainment of virus circulation in the three continents, emphasizes the need for risk assessments of the introduction and spread of the infection in all countries around the world, and more especially if the countries are connected by poultry trade, wild water bird movements or geographic proximity with outbreak areas which are situations that have been assessed as decisive factors for the introduction of the infection (Gilbert et al., 2006a; Alexander, 2007; Keawcharoen et al., 2008).

Europe was hit by the ongoing epidemic of HPAI subtype H5N1 at the end of 2005, but it was during 2006

when most countries notified the infection. Specifically, Croatia, Bulgaria, Slovenia, Greece, Italy, Germany, Austria, Bosnia & Herzegovina, France, Slovakia, Switzerland, Hungary, Poland, Denmark, Serbia & Montenegro, Sweden, Czech Republic, the UK and Spain reported initial outbreaks in wildlife and no further outbreaks were recorded in poultry in Austria, Bosnia and Herzegovina, Bulgaria, Croatia, Greece, Italy, Slovakia, Slovenia, Spain and Switzerland (OIE, 2005-2008). Thus, wild water birds have been suggested as vectors of the disease because of the virus notifications (Keawcharoen et al., 2008). Influenza A virus prevalence in ducks have been related to migratory patterns, peaking in the initial phase of the autumn migration when they are in northern latitudes (Munster et al., 2007) from which Spain receives wintering birds. The low temperatures at northern latitudes could favour virus persistence in water as it has been

Iglesias; Muñoz, MJ; Martínez, M, de la Torre, A. 2009. Modelling of risk factors for H5N1 HPAI virus occurrence and survival in wetlands using environmental wetland parameters and climatic data. Presentación oral. ISSN 1177-3618. ISVEE 12 Proceedings of the 12th Symposium of the International Society for Veterinary Epidemiology and Economics, Durban, South Africa: ISVEE 12, 275, 2009.

### **Modelling of risk factors for H5N1 HPAI virus occurrence and survival in wetlands using environmental wetland parameters and climatic data.**

*Iglesias, I; Muñoz, M.J; Martínez, M; de la Torre, A.*

CISA-INIA, Epidemiology and animal Health. Research Center on animal Health. Carretera de Algete a El Casar s/n 28130 Valdeolmos, Madrid (Spain).

#### **ABSTRACT**

Waterbirds were affected in Europe (2006-2008) by H5N1 HPAI in a high number. Wetlands, natural waterbirds' habitat, have been considered as a relevant factor in the spread of the disease. The objective of this article is to model risk areas for H5N1 HPAI occurrence using environmental wetland characteristics and climatic data. Firstly, the environmental risk factors associated to H5N1 HPAI occurrence in Europe (2006-2009) were identified performing a logistic regression in a case-control study. Secondly, the applicability of the model was tested in a national context for Spain, adjusting the wetland risk results for climatic parameters (temperature and sunlight exposure) related to virus survival characteristics. Finally, a risk map for Spain was generated.

Results of the logistic regression study identified three risk environmental characteristics of wetlands. The model application into Spain adjusted by climatic parameters showed that the risk areas are located in the northern half of the country. This study contributes to the knowledge of environmental parameters that could determine H5N1 HPAI viral persistence/perpetuation, which in turn could help improve early virus detection and mitigate the consequences of an incursion.

#### **KEYWORDS**

H5N1 avian influenza, environmental wetland risk factors, climatic data, risk areas.

#### **INTRODUCTION**

The emergence of H5N1 highly pathogenic avian influenza (HPAI) viruses in Europe (2006-2008) affected a great number of waterbirds. Wetlands, natural waterbirds' habitat, have been considered as a relevant factor in the spread of the disease because infected waters represent a recognized mechanism for faecal-oral transmission of the virus within wild aquatic bird populations (Sandu and Hinshaw, 1981) and because wetlands concentrate many wild aquatic bird species in breeding grounds or staging areas, thereby increasing the risk of infection (Gilbert et al 2006).

To identify the characteristics of wetlands in order to define higher or lower risk areas of H5N1 HPAI occurrence would allow targeting the resources available so as to optimize the effort employed in the surveillance of the disease in European countries. Certainly, focusing HPAI surveillance activities on those areas at the highest risk for the disease is necessary in order to early detect the presence of the virus. Therefore, the objective of this article is to model risk areas for H5N1 HPAI occurrence using environmental wetland characteristics and climatic data.

#### **MATERIALS AND METHODS**

The environmental risk factors associated to H5N1 HPAI in European Ramsar wetlands were identified using a logistic regression (L-R) analysis in a case-control study.

Firstly, the Ramsar database was reviewed to select those available environmental characteristics of the European Ramsar wetlands (n=833) which could be related to virus survival or wild bird presence. Thirty two characteristics were selected and included in the case-control study as independent variables. Additionally, the distance to the nearest case was also considered as an independent variable, because spatial clustering between cases and controls was found to be statistically significant (Bernoulli model;  $P < 0.001$ ). Cases and controls were defined as wetlands in which H5N1 HPAI was notified or not respectively. To assess the sensitivity of the results, a matched case-control study was used in which only three controls per positive wetland were included.

The applicability of the model was tested in a national context for Spain, a meridional country with a high ornithological relevance in the wintering migratory movements between Eurasia and Africa. Therefore, the

Martínez, M; Pérez AM; de la Torre, A; Iglesias, I; Muñoz, M.J. 2008. Association between number of wild birds sampled for identification of H5N1 avian influenza virus and probability of outbreaks in the European Union. *Transboundary and emerging diseases*. 55 (9-10): 393-403.

Transboundary and Emerging Diseases

#### ORIGINAL ARTICLE

### Association Between Number of Wild Birds Sampled for Identification of H5N1 Avian Influenza Virus and Incidence of the Disease in the European Union

M. Martínez<sup>1</sup>, A. M. Pérez<sup>2</sup>, A. de la Torre<sup>1</sup>, I. Iglesias<sup>1</sup> and M. J. Muñoz<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigación en Sanidad Animal, CISA/INIA, Carretera de Algete a El Casar Valdeolmos, Madrid, Spain

<sup>2</sup> CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias UNR, Argentina, and Center for Animal Disease Modeling and Surveillance, Department of Medicine and Epidemiology, University of California, CA, USA

#### Keywords:

Highly pathogenic avian influenza; co-kriging; surveillance; birds; Europe

#### Correspondence:

Marta Martínez, Centro de Investigación en Sanidad Animal, CISA/INIA, Carretera de Algete a El Casar s/n 28130 Valdeolmos, Madrid, Spain. Tel.: +34 913943702; Fax: +34 916202247; E-mail: marta@sanidadanimal.info

Received for publication March 19, 2008

doi:10.1111/j.1865-1682.2008.01046.x

#### Summary

Fourteen European Union (EU) countries have been affected by highly pathogenic avian influenza (HPAI) of the subtype H5N1 since 2005. Many of the H5N1 HPAI cases have been identified in wild bird populations from aquatic habitats. The objective of this contribution was to assess the association between the H5N1 HPAI incidence, estimated by a co-kriging approach, and the number of wild birds sampled for H5N1 HPAI surveillance in EU countries. The probability that a sample for H5N1 HPAI surveillance collected in the EU was obtained from a given country was associated ( $P < 0.01$ ) with the probability that a H5N1 HPAI case reported in the EU was located in the same country. The relation between probability of sampling and probability of infection in the Netherlands and in Spain was significantly higher ( $P < 0.01$ ) than that estimated in other EU countries, suggesting that political or social factors may have selectively influenced the number of samples for H5N1 HPAI surveillance collected in those two countries. The approach presented here will be useful for *post hoc* comparison of the relation between probability or risk for disease and the intensity of surveillance activities among administrative divisions of a region.

#### Introduction

Epidemics of highly pathogenic avian influenza (HPAI) have been caused to date by subtypes H5 and H7 of an RNA virus generically referred to as avian influenza virus (AIV). Since 1996, there have been continuous epidemics of H5N1 HPAI reported in South East Asia, reaching intercontinental spread to Europe in 2005 and to Africa in 2006. HPAIV causes an infectious disease with devastating consequences for the poultry industry that can seriously compromise the economical and social activities of affected countries and regions (Capua and Alexander, 2006; Capua and Marangon, 2007). HPAI has a major economic and ecological impact on affected regions. HPAI infection may result in high mortality rates in threatened species, in massive death of individuals from particularly susceptible species, like the 5–10% mortality

of the world population of bar-headed goose reported in spring 2005 at Lake Qinghai, China, or in loss of indigenous breeds valuable for production. Moreover, under certain epidemiological conditions, HPAI may behave as a zoonotic disease and at least 368 human cases have been reported in 14 countries of the world from 2003 through 26th February 2008 (WHO, 2008). HPAI has historically been a term reserved to describe infection on poultry populations, where it is believed to appear after mutation from low pathogenic AIV strains (Alexander, 2007). However, the H5N1 AIV that was isolated from wild birds was similar to the H5N1 AIV typically isolated from poultry and for that reason, the use of the term has been extended throughout this manuscript to include infected wild bird populations.

Subtype H5N1 HPAI cases have occurred in wild and domestic avian populations in Europe since October



Martínez, M; Muñoz, M.J; de la Torre, A; Martínez, B; Iglesias, I; Sánchez-Vizcaíno, J.M. 2007. Risk assessment applied to España's prevention strategy against highly pathogenic avian influenza virus H5N1. Avian diseases. 51 (Suppl): 507-511.

AVIAN DISEASES 50:507-511, 2007

# Research Note—

## Risk Assessment Applied to Spain's Prevention Strategy Against Highly Pathogenic Avian Influenza Virus H5N1

M. Martínez,<sup>A</sup> M. J. Muñoz,<sup>B</sup> A. De la Torre,<sup>B</sup> B. Martínez,<sup>A</sup> I. Iglesias,<sup>B</sup> and J. M. Sánchez-Vizcaíno<sup>AC</sup>

<sup>A</sup>Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040, Madrid, Spain

<sup>B</sup>Centro de Investigación en Sanidad Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Valdeolmos, 28130, Madrid, Spain

Received 26 April 2006; Accepted 29 August 2006

**SUMMARY.** Notifiable avian influenza (NAI) had never been reported in Spain, until July 2006 when a dead Great Crested Grebe (*Podiceps cristatus*) was found positive to the highly pathogenic H5N1 subtype as part of the active wild bird surveillance plan. The current program of the Spanish Ministry of Agriculture, Fisheries, and Food (MAPA)'s strategic preventive plan against NAI is divided in the following parts: identification of risk areas and risk wild bird species, increased biosecurity measures, early detection of infection with surveillance intensification and development of rapid diagnostic tests, and other policies, which include continuing education and training to ensure early detection of the disease. In 2003 an active surveillance plan was introduced for domestic fowl; the plan was extended to wild birds in 2004. A total of 18,780 samples in poultry and 3687 samples in wild birds had been analyzed through December 2005 to detect the presence and spread of avian influenza subtypes H5 and H7.

In the present work we suggest some contributions to be implemented in MAPA's action plan: 1) the identification of risks because of migratory birds, within the risk assessment of the introduction of NAI virus in Spain and 2) an interactive digital simulator of the disease developed for continuing education and training.

**RESUMEN. Nota de Investigación.**—Valoración del riesgo aplicada a la estrategia Española de prevención contra el virus H5N1 de Influenza Aviar de alta patogenicidad.

Los virus notificables de influenza aviar nunca habían sido reportados en España, hasta Julio de 2006 cuando se observó, como parte del plan de vigilancia epidemiológica activa de aves silvestres, que un Somormujo lavanco (*Podiceps cristatus*), que se encontró muerto, era positivo al subtipo H5N1 de alta patogenicidad. El programa actual del Ministerio Español de Agricultura, Pesca y Alimentos tiene un plan preventivo contra los virus notificables de influenza aviar dividido en las siguientes partes: Identificación de áreas y especies de aves silvestres de riesgo, incremento de las medidas de bioseguridad, detección temprana de la infección mediante la intensificación de medidas de vigilancia y el desarrollo de técnicas de diagnóstico rápidas y otras políticas, las cuales incluyen educación continua y entrenamiento para asegurar la detección temprana de la enfermedad. En el año 2003 se introdujo un plan de vigilancia activa para las aves domésticas, este plan se extendió a aves silvestres en el año 2004. Se han analizado un total de 18,780 muestras en aves comerciales y 3687 muestras de aves silvestres desde Diciembre del año 2005 para detectar la presencia y diseminación de los subtipos H5 y H7 de influenza aviar.

En este trabajo hacemos algunas contribuciones a ser implementadas en el plan de acción del Ministerio de Agricultura: 1) La identificación del riesgo debido a aves silvestres, dentro de la evaluación del riesgo de introducción de virus notificables de influenza aviar en España y 2) Un simulador digital interactivo de la enfermedad desarrollado para educación continua y entrenamiento.

**Key words:** active surveillance, avian influenza, digital simulation, migratory birds, risk identification, Spain

**Abbreviations:** AI = avian influenza; HPAI = highly pathogenic avian influenza; MAPA = Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (Spain's Ministry of Agriculture, Fisheries and Food); NAI = notifiable avian influenza

Spain's location, in the southwestern Palearctic region, favors the wintering of wild birds from Northern and Central Europe. The southern Palearctic region contains very little land mass at its Asian end whereas at its western end, Africa appears to be an area prone to receive birds. Therefore, Spain becomes an important territory flown over by birds migrating to Africa but it also represents a wintering location for many birds whose habitats can reach longitudes of 90°E in the Eurasian continent, where the majority of territories are located in latitudes higher than 30°N.

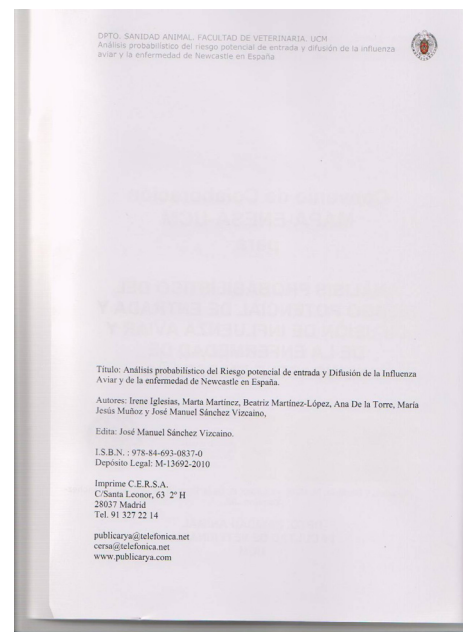
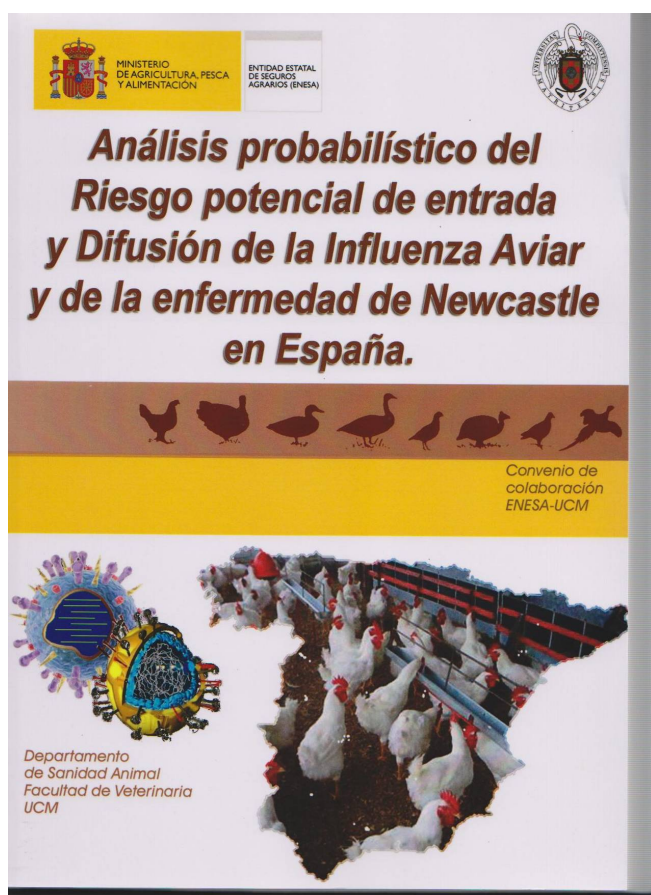
These conditions, together with others (among which it is worth mentioning the temperate effect of the seas surrounding the Iberian Peninsula) create certain bioclimatic factors which foment great biodiversity as well as considerable bird abundance. For example, Doñana National Park, in the marshland of the Guadalquivir River,

in the southwest part of Spain, receives an annual average of circa 313,000 wintering birds and has a high diversity (63 species). As a Mediterranean wintering quarter for ducks and coots, the number of Spanish wintering birds is approximately 1,500,000 (3). Contrary to what could be expected, Spain has fewer wetlands than many other countries and many of these wetlands suffer from the severity of long dry seasons with marked maximum and minimum rainfall values. Environmental conditions are known to affect the tenacity of influenza viruses; for example, exposure to sunlight accelerates the inactivation kinetics (8), but infectivity is retained for more than 3 wk, especially when stored at less than 4 °C (2,5). Avian influenza (AI) viruses have demonstrated a remarkable persistence in feces (8), therefore the capacity for gregariousness and the intermixing of different hosts acquires high relevance together with other aspects of the ecology of these populations (6). All of the above demonstrate the importance of climatic conditions for virus survival in natural environments in our country.

<sup>C</sup>Corresponding author.

## Publicaciones técnicas relacionadas con la tesis

Iglesias, I; Martínez, M; Martínez, B; De la Torre, A; Muñoz MJ y Sánchez-Vizcaíno, JM. 2010. **Análisis de riesgo probabilístico de la entrada y difusión de la Influenza Aviar y la Enfermedad de Newcastle en España.** Documento técnico para el Ministerio de Agricultura y Alimentación. Editor José Manuel Sánchez-Vizcaíno. ISBN: 978-84-693-0837-0. Madrid.







**Rift Valley fever virus associated to the reproduction of Rift Valley fever virus in Europe in 2005-2008**

**Authors:** B. Pérez, A. Sánchez-Vizcaíno, J.M. Muñoz, M.P. Martínez, M. Viqueira, B. de la Torre, A. García

**Abstract:** The aim of this study was to determine the environmental factors associated to the reproduction of Rift Valley fever virus in Europe in 2005-2008. The results showed that the environmental factors associated to the reproduction of Rift Valley fever virus in Europe in 2005-2008 were: temperature, precipitation, and vegetation cover. The results also showed that the environmental factors associated to the reproduction of Rift Valley fever virus in Europe in 2005-2008 were: temperature, precipitation, and vegetation cover.

**Introduction:** Rift Valley fever (RVF) is a viral zoonosis caused by the Rift Valley fever virus (RVFV). It is a mosquito-borne virus that can cause a range of clinical manifestations in humans, from a mild fever to a severe encephalitis. RVFV is also a significant cause of abortion and stillbirth in livestock. The virus is widespread in sub-Saharan Africa, where it is often associated with drought and flooding. In Europe, RVFV was first detected in 2005, when it caused a large outbreak in Spain. Since then, there have been several smaller outbreaks in other parts of Europe.

**Knowledge Gaps:** Despite the fact that RVFV has been found in several parts of Europe, there is still a lot of uncertainty about the factors that influence its reproduction. In particular, there is a need to better understand the role of environmental factors in the spread of the virus. This study aims to fill some of these knowledge gaps by analyzing the environmental factors associated to the reproduction of RVFV in Europe in 2005-2008.

**Results:** The results of this study show that the environmental factors associated to the reproduction of RVFV in Europe in 2005-2008 were: temperature, precipitation, and vegetation cover. The results also showed that the environmental factors associated to the reproduction of RVFV in Europe in 2005-2008 were: temperature, precipitation, and vegetation cover.

**Conclusions:** The results of this study show that the environmental factors associated to the reproduction of RVFV in Europe in 2005-2008 were: temperature, precipitation, and vegetation cover. The results also showed that the environmental factors associated to the reproduction of RVFV in Europe in 2005-2008 were: temperature, precipitation, and vegetation cover.

**Bibliography:** [List of references]

**POSTER PRESENTATION 16**  
**Environmental Factors associated to the reproductive Ratio of Avian Influenza Epidemics in 2005-2006**  
Iglesias, Teresa\*, Perez, Andres\*, Sánchez-Vizcaino, J. Jose, Manuel\*, Muñoz, M.ª Jesus\*, Martínez, María\*, Vazquez, Belen\*  
\*Global Health Research Center (CISA-INTA); \*Medicine and Epidemiology, UC Davis; \*Animal Health, Complutens University Madrid

**Key words:** Wildbirds, risk factors, spatial analysis, infectious diseases surveillance, avian influenza

**Background:** The disease reproductive ratio (R0) is a key parameter for understanding disease dynamics and as an indicator of the magnitude of the outbreak. High values of R0 are likely associated with the presence or absence of factors that, respectively, promote and prevent disease transmission. In order to better understand the factors known to influence the dynamics of diseases in wildlife (Wobeser 2007), the identification of factors that influence the value of R0 are critical for the formulation of predictive models of disease transmission and control.

**Methods:** Application of a scan-based permutation model resulted in the identification of nine spatiotemporal clusters of the disease. The epidemics reported in wildbirds in Europe from January 2006 through January 2009 (Iglesias et al, 2010a). Subsequently, the values of R0 were computed for each of the nine clusters in the absence of the identified risk factors.

**Results:** The objective of the present study was to identify those environmental and demographic factors influencing the within-cluster values of R0. The environmental and biological factors evaluated for each cluster included climate, land cover (artificial, forest or agriculture areas, wetlands) (Corine 2000), whereas the demographic factor was the age of the outbreak.

**Conclusions:** Descriptive statistics of the association between environmental and demographic factors were computed for each cluster using a GIS software. Factors significantly associated with R0 were identified by fitting a multivariate logistic linear model.

**Results:** Differences in land use, humidity ranges, and affected species (presence of swans and coots) significantly increased the between-clusters difference in the estimates of R0.

**Conclusions:** Results presented here will help to formulate and parameterize spread models for the disease in wildbirds and to identify areas at high risk for AI in wild birds in Europe.

**Iglesias I, de la Torre, A, Muñoz MJ, Martínez M, Sánchez-Vizcaíno JM. Zonificación del riesgo a Influenza Aviar Altamente Patógena en España: aplicación en vigilancia. Comunicación oral. 28º Reunión de la Sociedad Española de Epidemiología. Octubre 2010. Valencia.**

Vol. 24 • Especial Congreso 2 • Octubre 2010

---

# GACETA SANITARIA

---

SOCIEDAD ESPAÑOLA DE SALUD PÚBLICA Y ADMINISTRACIÓN SANITARIA  
ISSN: 0213-9111

XXVIII REUNIÓN CIENTÍFICA DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA  
DE EPIDEMIOLOGÍA

"Epidemiología: el reto de la información, la oportunidad de la investigación"

Valencia, 27-29 de octubre de 2010

---



REVISTA ESPAÑOLA DE SALUD PÚBLICA Y ADMINISTRACIÓN SANITARIA  
REVISTA ESPAÑOLA DE SALUD PÚBLICA Y ADMINISTRACIÓN SANITARIA  
REVISTA ESPAÑOLA DE SALUD PÚBLICA Y ADMINISTRACIÓN SANITARIA  
HAKAREN PUBLIKO ETA SANITAL ADMINISTRAZIOARAKO ESPANINAR ALDIZKARIA

SESPAS

EPHES (Revista Científica de la EFSAE)

21

41) PHC 001 (Código) con 30 años. Nacido mediante cesárea con una vida preparto de 36 semanas por VPH y VIH positivos. Las primeras EDS presentadas fueron de tipo infeccioso por infección por VIH.

#### 584. ZONIFICACIÓN DE LOS FACTORES DE RIESGO PARA LA INFECCIÓN POR AGENTES PATÓGENOS EN ESPAÑA: APLICACIÓN EN VIGILANCIA

J. Urbina, A. de la Sierra, M.J. Muñoz, M. Martínez, J. Sánchez-Vizcaíno

**Introducción:** La Sociedad Española de Epidemiología y Salud Ambiental (SEESA) organiza los trabajos de investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España. El objetivo de este trabajo es presentar los resultados de la investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España.

**Antecedentes/Objetivos:** Las enfermedades infecciosas son una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en España. La vigilancia de estas enfermedades es una de las principales prioridades de la salud pública. El objetivo de este trabajo es presentar los resultados de la investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España.

**Metodología:** Se realizó un estudio de tipo descriptivo y analítico. Se analizaron los datos de morbilidad y mortalidad por enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. Se utilizó el método de los ratios de incidencia para evaluar la incidencia de las enfermedades infecciosas en España. Se utilizó el método de los ratios de mortalidad para evaluar la mortalidad por enfermedades infecciosas en España.

**Resultados:** Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. La incidencia de las enfermedades infecciosas en España fue de 1,2 por 100.000 habitantes al año. La mortalidad por enfermedades infecciosas en España fue de 0,5 por 100.000 habitantes al año. Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009.

**Conclusiones:** Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. La incidencia de las enfermedades infecciosas en España fue de 1,2 por 100.000 habitantes al año. La mortalidad por enfermedades infecciosas en España fue de 0,5 por 100.000 habitantes al año.

**Palabras clave:** Enfermedades infecciosas, Vigilancia, España, Mortalidad, Incidencia.

**Introducción:** Las enfermedades infecciosas son una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en España. La vigilancia de estas enfermedades es una de las principales prioridades de la salud pública. El objetivo de este trabajo es presentar los resultados de la investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España.

**Metodología:** Se realizó un estudio de tipo descriptivo y analítico. Se analizaron los datos de morbilidad y mortalidad por enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. Se utilizó el método de los ratios de incidencia para evaluar la incidencia de las enfermedades infecciosas en España. Se utilizó el método de los ratios de mortalidad para evaluar la mortalidad por enfermedades infecciosas en España.

**Resultados:** Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. La incidencia de las enfermedades infecciosas en España fue de 1,2 por 100.000 habitantes al año. La mortalidad por enfermedades infecciosas en España fue de 0,5 por 100.000 habitantes al año. Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009.

**Conclusiones:** Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. La incidencia de las enfermedades infecciosas en España fue de 1,2 por 100.000 habitantes al año. La mortalidad por enfermedades infecciosas en España fue de 0,5 por 100.000 habitantes al año.

**Palabras clave:** Enfermedades infecciosas, Vigilancia, España, Mortalidad, Incidencia.

2) J. Urbina, A. de la Sierra, M.J. Muñoz, M. Martínez, J. Sánchez-Vizcaíno. La Sociedad Española de Epidemiología y Salud Ambiental (SEESA) organiza los trabajos de investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España. El objetivo de este trabajo es presentar los resultados de la investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España.

**Antecedentes/Objetivos:** Las enfermedades infecciosas son una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en España. La vigilancia de estas enfermedades es una de las principales prioridades de la salud pública. El objetivo de este trabajo es presentar los resultados de la investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España.

**Metodología:** Se realizó un estudio de tipo descriptivo y analítico. Se analizaron los datos de morbilidad y mortalidad por enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. Se utilizó el método de los ratios de incidencia para evaluar la incidencia de las enfermedades infecciosas en España. Se utilizó el método de los ratios de mortalidad para evaluar la mortalidad por enfermedades infecciosas en España.

**Resultados:** Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. La incidencia de las enfermedades infecciosas en España fue de 1,2 por 100.000 habitantes al año. La mortalidad por enfermedades infecciosas en España fue de 0,5 por 100.000 habitantes al año. Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009.

**Conclusiones:** Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. La incidencia de las enfermedades infecciosas en España fue de 1,2 por 100.000 habitantes al año. La mortalidad por enfermedades infecciosas en España fue de 0,5 por 100.000 habitantes al año.

**Palabras clave:** Enfermedades infecciosas, Vigilancia, España, Mortalidad, Incidencia.

**Introducción:** Las enfermedades infecciosas son una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en España. La vigilancia de estas enfermedades es una de las principales prioridades de la salud pública. El objetivo de este trabajo es presentar los resultados de la investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España.

**Metodología:** Se realizó un estudio de tipo descriptivo y analítico. Se analizaron los datos de morbilidad y mortalidad por enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. Se utilizó el método de los ratios de incidencia para evaluar la incidencia de las enfermedades infecciosas en España. Se utilizó el método de los ratios de mortalidad para evaluar la mortalidad por enfermedades infecciosas en España.

**Resultados:** Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. La incidencia de las enfermedades infecciosas en España fue de 1,2 por 100.000 habitantes al año. La mortalidad por enfermedades infecciosas en España fue de 0,5 por 100.000 habitantes al año. Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009.

**Conclusiones:** Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. La incidencia de las enfermedades infecciosas en España fue de 1,2 por 100.000 habitantes al año. La mortalidad por enfermedades infecciosas en España fue de 0,5 por 100.000 habitantes al año.

**Palabras clave:** Enfermedades infecciosas, Vigilancia, España, Mortalidad, Incidencia.

**Introducción:** Las enfermedades infecciosas son una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en España. La vigilancia de estas enfermedades es una de las principales prioridades de la salud pública. El objetivo de este trabajo es presentar los resultados de la investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España.

**Metodología:** Se realizó un estudio de tipo descriptivo y analítico. Se analizaron los datos de morbilidad y mortalidad por enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. Se utilizó el método de los ratios de incidencia para evaluar la incidencia de las enfermedades infecciosas en España. Se utilizó el método de los ratios de mortalidad para evaluar la mortalidad por enfermedades infecciosas en España.

**Resultados:** Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. La incidencia de las enfermedades infecciosas en España fue de 1,2 por 100.000 habitantes al año. La mortalidad por enfermedades infecciosas en España fue de 0,5 por 100.000 habitantes al año. Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009.

**Conclusiones:** Se observó un aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. La incidencia de las enfermedades infecciosas en España fue de 1,2 por 100.000 habitantes al año. La mortalidad por enfermedades infecciosas en España fue de 0,5 por 100.000 habitantes al año.

**Palabras clave:** Enfermedades infecciosas, Vigilancia, España, Mortalidad, Incidencia.

585. SITUACIÓN ACTUAL DE LA ENTOMOLOGÍA EN CHAGAS POR ENFERMEDADES DE LOS

J. Rueda, J.M. Barja, C. Calvache, R. Camps Carreras, M. Alaguir

**Introducción:** La Sociedad Española de Epidemiología y Salud Ambiental (SEESA) organiza los trabajos de investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España. El objetivo de este trabajo es presentar los resultados de la investigación en el campo de la epidemiología y la salud ambiental en España.

**Antecedentes/Objetivos:** Analizar variables epidemiológicas para la vigilancia de la enfermedad de Chagas en España.

**Metodología:** Se realizó un estudio de tipo descriptivo y analítico. Se analizaron los datos de morbilidad y mortalidad por enfermedades infecciosas en España durante el periodo 2000-2009. Se utilizó el método de los ratios de incidencia para evaluar la incidencia de las enfermedades infecciosas en España. Se utilizó el método de los ratios de mortalidad para evaluar la mortalidad por enfermedades infecciosas en España.

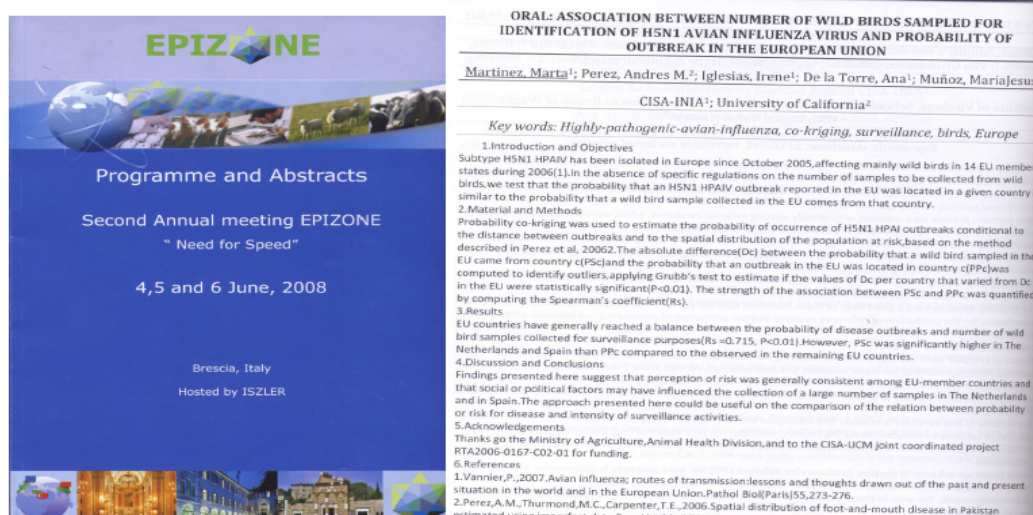




Martínez, M; Bosch, J; de la Torre, A; Iglesias, I; Muñoz, MJ. 2009. Temporary migration scenarios of wild birds and their relation with the risk of entry into Spain of H5N1 HPAI from both Africa and Europe. Poster. 8º Congreso Internacional de Virología. Agosto. Budapest, Hungría

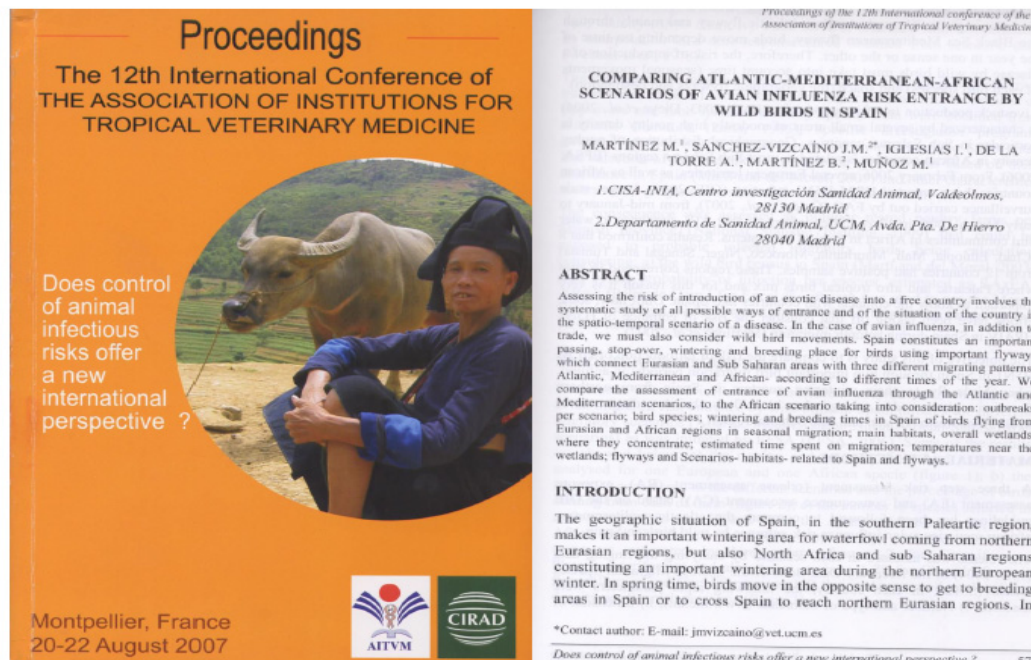


Martínez M, Pérez, A, Iglesias I, de la Torre A. Association between number of wild birds sampled for surveillance of H5N1 avian influenza virus and probability of occurrence in the European Union. Comunicación oral presentada en la segunda reunión anual de EPIZONE celebrada en Brescia (Italia). Junio 2008.

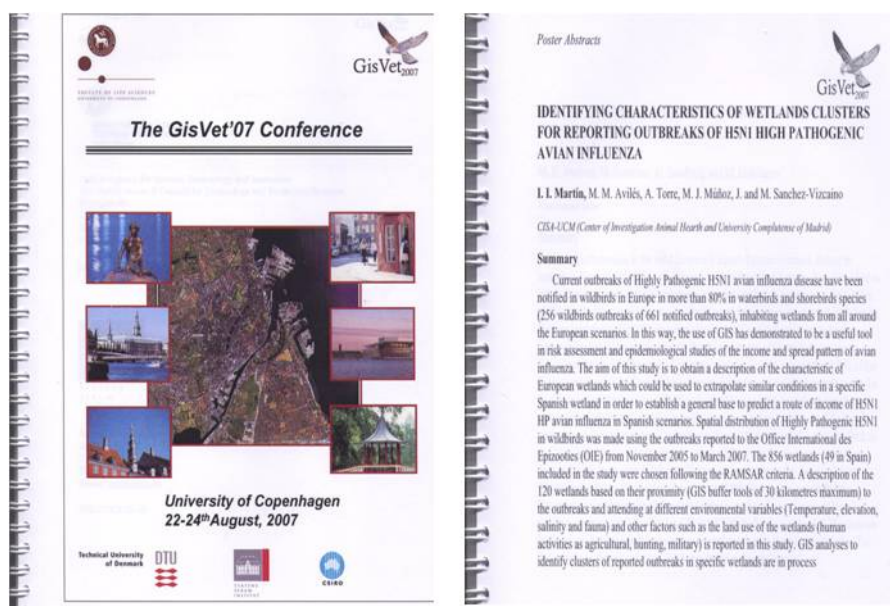




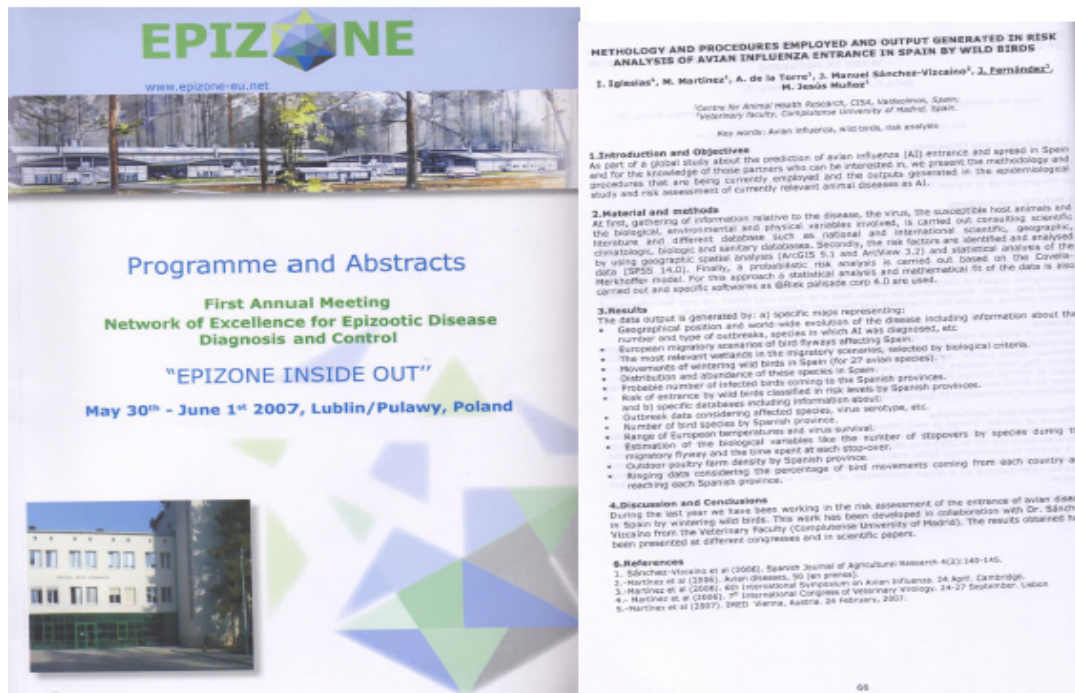
Martínez M, Sánchez-Vizcaíno J.M, Iglesias I, de la Torre A, Martínez B, Muñoz M.J. Comparing Atlantic-Mediterranean-African scenarios of avian influenza risk atalia by wild birds in Spain. Comunicación oral presentada en el 12th AITVM (Association of Institutions for Tropical Veterinary Medicine) Montpellier (Francia). Agosto 2007.



Iglesias I, Martínez M, de la Torre A, Muñoz MJ, Sánchez-Vizcaíno JM. Identifying characteristics of wetlands clusters for reporting outbreaks of H5N1 High Pathogenic Avian Influenza. Poster presentado en GISVet 07, celebrado en Copenhague (Dinamarca). Agosto 2007.



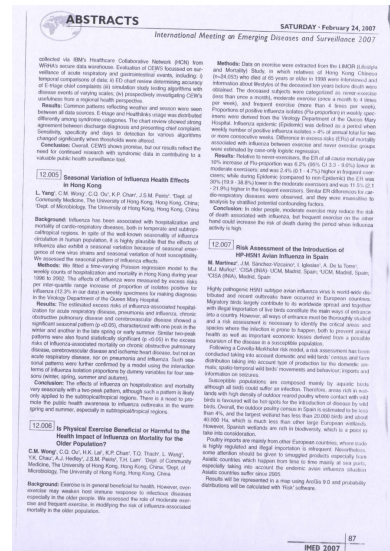
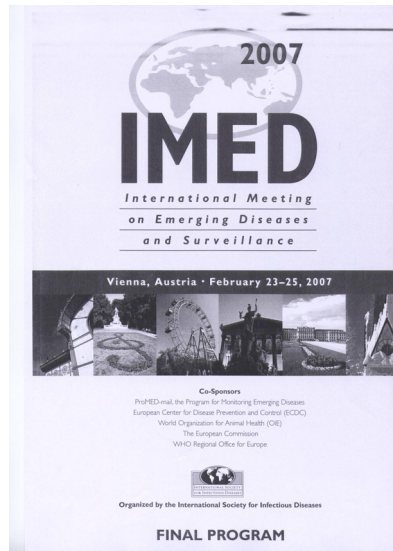
Iglesias I, Martínez M, de la Torre A, Sánchez-Vizcaíno J.M, Fernández J, Muñoz MJ. Methodology and procedures employed and output generated in risk analysis of avian influenza entrance in Spain by wild birds. Comunicación oral presentada en la primera reunión anual de EPIZONE celebrada en Lublin (Polonia). Mayo – Junio 2007.



Iglesias I, Martínez M, Muñoz MJ, De la Torre A, Sánchez-Vizcaíno JM. Relación entre las rutas de aves migratorias y brotes de la influenza aviar europeos que pudieran afectar a España en el año 2006. Comunicación oral presentada en el IX Congreso Nacional de Virología celebrado en Zaragoza (España). Abril 2007.



**Martínez M, Sánchez-Vizcaíno JM, Iglesias I, De la Torre A, Muñoz MJ. Risk Assessment of the Introduction of HP-H5N1 Avian Influenza in Spain. Poster presentado en el International Meeting on Emerging Diseases (IMED) celebrado en Viena (Austria). Febrero 2007.**



## Anexo III: Parámetros del modelo III introducidos en el programa Interspread +.

Esquema de los parámetros utilizados en el programa informático Interspread plus  
(Basado en el diseño elaborado por Yu-Hsin Kung, 2006).

Parámetros		Detalles de los parámetros										
Explotaciones		Coordenadas, nº de animales, tipo de producción de la granja.										
Zona de estudio		Coordenadas del polígono que comprende CyL										
Mataderos		Coordenadas.										
Historia de la epidemia		Coordenadas e identificación de la explotación de origen de la epidemia										
Difusión local: de granja a granja		DÍAS DE LA EPIDEMIA	Distancia (m)	500	100	2000	400	Difusión de la enfermedad entre granjas dentro de un radio de 4Km alrededor de la explotación infectada Este parámetro define la probabilidad de la difusión local en función de la distancia y de los días de transcurso de la epidemia.				
			Día 1	0	0	0	0					
			Día 2	0.4	0.2	0.05	0					
			Día 3	0.4	0.2	0.05	0					
			Día 4	0.2	0.1	0.02	0					
			Día 5	0.2	0.1	0.02	0					
			Día 6	0.1	0.05	0.01	0					
			Día 7	0.1	0.05	0.01	0					
			Día 8	0.05	0.02	0.001	0					
Movimientos: entre explotaciones  * El nº medio de movimientos introducido como lambda de una distribución Poisson		Parámetro					Dato o distribución del dato					
		Movimientos a granjas (Broilers)					Poisson 0,0045*					
		Movimientos a granjas (Ponedoras)					Poisson 0,0028*					
		Movimientos a granjas (Reproductoras)					Poisson 0,3827*					
		Movimientos a granjas (Incubadoras)					Poisson 0,2655*					
		Probabilidad de granja de destino (Broilers)					0,61					
		Prob. de granja de destino (Ponedoras)					0,21					
		Prob. de granja de destino (Reproductoras)					0,18					
		Prob. de granja de destino (Incubadoras)					0,001					
		Prob. De movimiento entre explotaciones en función de la distancia					0.58	0.2	0.14	0,0073	0,0007	
							50km	100km	150km	200km	250km	
		prob. de transmisión en movimientos entre granjas					Valor constante 1					
Movimientos: De explotación a matadero  * El nº medio de movimientos introducido como lambda de una distribución Poisson		Movimientos a matadero (Broilers)					Poisson 0,04*					
		Movimientos a matadero (Ponedoras)					Poisson 0,0039*					
		Movimientos a matadero (Reproductoras)					Poisson 0,00832*					
		Movimientos a matadero (Incubadoras)					Poisson 0,00001*					
		Prob. De movimiento a matadero en función de la distancia					0.585	0,262	0,14	0,05	0,0021	0,0003
							55km	110km	165km	220km	275km	330km
		Prob. de transmisión en movimientos a matadero					Valor constante 1					
Infectividad del virus		Define en periodos de tiempo la probabilidad de mostrar signos clínicos, con una probabilidad de 1 del día 1-3; de 0,4 del día 3-7; de 0,2 del día 7-10 y de 0 del día 10-100. La probabilidad de difusión dentro de una misma explotación se considera de 1.										
Zonas ,vigilancia y medidas restrictivas en ellas		Zona	Zona de estudio	Zona de protección				Zona de vigilancia				
		Area	Polígono de CyL	Radio de 3Km alrededor de una granja infectada y detectada				Radio entre 3,001-13Km alrededor de una granja infectada y detectada				
		Duración	Duración todo el Periodo e estudio	Duración 21 días				Duración 30 días				
		Nº días desde la deteccion hasta la primera visita veterinaria	Poisson 1	Poisson 1				Poisson 1				
		Frecuencia de las visitas	Poisson 7	Poisson 1				Poisson 1				
		Retardo en la detección	Poisson 1	Poisson 0,5				Poisson 0,5				
		Probabilidad de detección	0.9	0,99				0,99				
		Restricción de movimientos entre granjas	----	0,95				0,95				
		Restricción de movimientos a matadero	----	0,98				0,98				
Recursos sanitarios -		Número de granjas sacrificadas por intervalos de tiempo desde que se detecta la epidemia: 5 entre el día 1-15; 20 entre el día 16-31; 660 entre el día 32-365.										
Sacrificio de explotaciones		Define el tipo de actuación una vez detectada la infección en una granja dentro del periodo de estudio dentro del área de estudio.										



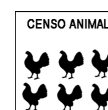
## Anexo IV: Resultados del Modelo I



### Densidad de explotaciones

	Densidad Kernel (Estadística por explotación)				Densidad Kernel de explotaciones. Estadística provincial			
	Mínimo	Máximo	Media	Desviación Estándar	Suma	Máximo	Media	Desviación Estándar
Ávila	0	0,11	0,04	0,03	61,97	0,11	0,008	0,014
Burgos	0,01	0,08	0,03	0,02	64,38	0,08	0,004	0,008
León	0,01	0,14	0,05	0,04	103,28	0,14	0,006	0,016
Palencia	0,01	0,03	0,01	0,01	15,11	0,03	0,001	0,004
Salam.	0,01	0,04	0,02	0,01	42,95	0,04	0,003	0,006
Segovia	0,01	0,20	0,10	0,06	140,19	0,20	0,020	0,036
Soria	0,01	0,02	0,01	0,005	11,86	0,02	0,001	0,003
Valladolid	0,01	0,15	0,05	0,03	130,84	0,15	0,016	0,021
Zamora	0,01	0,09	0,046	0,02	95,70	0,10	0,009	0,016

**Tabla 52. Densidad de explotaciones por provincia y por explotación y provincia de gallinas industriales.**  
Elaboración propia partir de datos REGA 2008.



## Censo de explotaciones

Censo por provincia					
Provincia	Censo máx por explotación	Censo medio por explotación	Desviación Estándar	Suma censo	Densidad (cab/km2)
Ávila	135000	20314,56	25903,67	1.340.761,00	166,35
Burgos	500.000,00	92264,40	115355,72	5.997.186,00	420,94
León	210.000,00	26572,08	31024,97	2.763.496,00	177,28
Palencia	256.000,00	36653,07	68607,75	549.796,00	68,40
Salamanca	42.000,00	8243,68	12137,74	362.722,00	29,37
Segovia	500.000,00	34178,03	56134,47	4.784.924,00	691,66
Soria	85.000,00	28026,25	27381,97	336.315,00	32,66
Valladolid	850.000,00	75260,27	133332,22	9.558.054,00	1177,25
Zamora	90.000,00	8759,08	17506,45	840.872,00	79,58

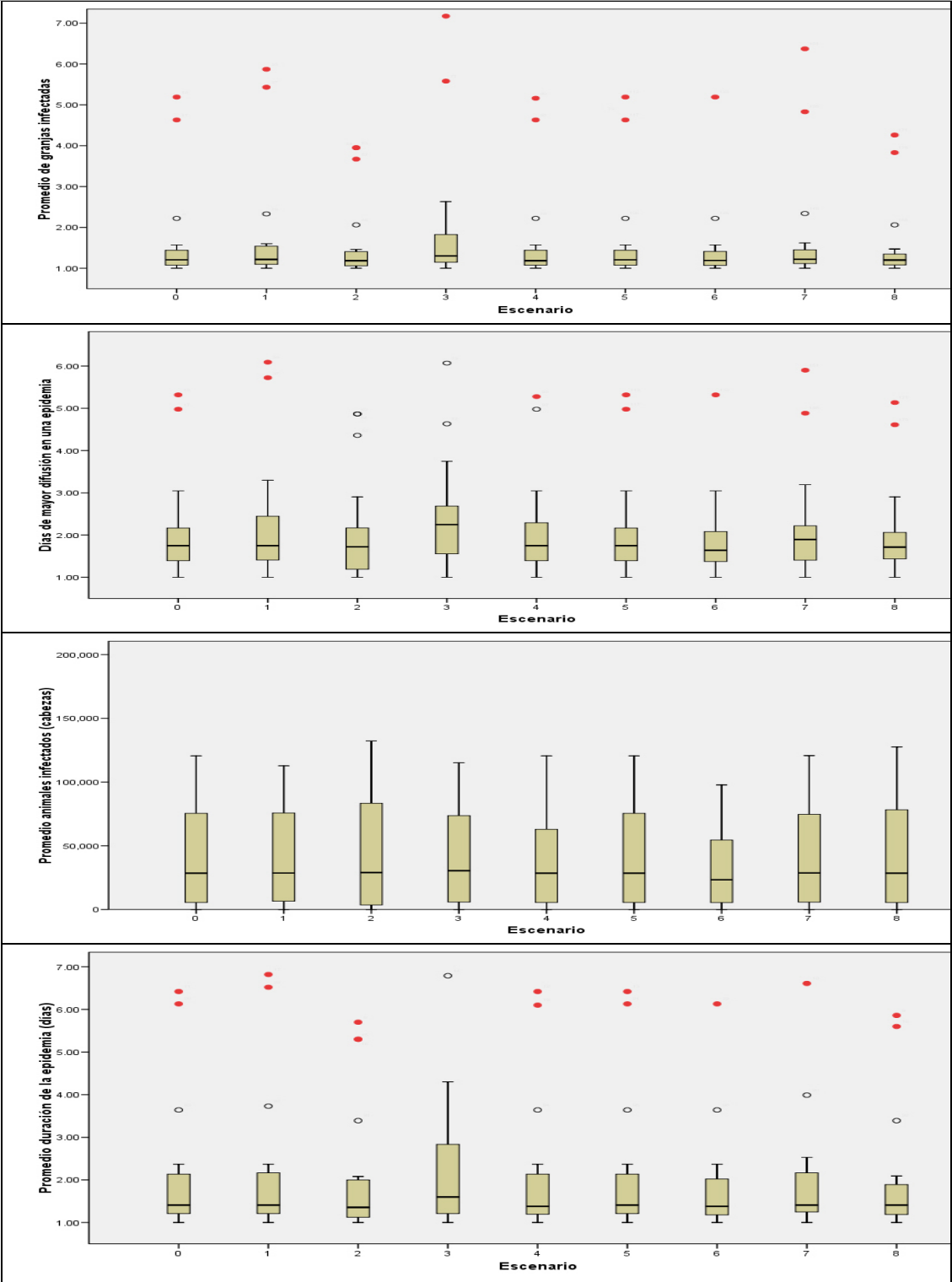
Tabla 53. Valores de censo y densidad de censo de gallinas industriales por provincial . elaboración propia a partir de datos REGA 2008.

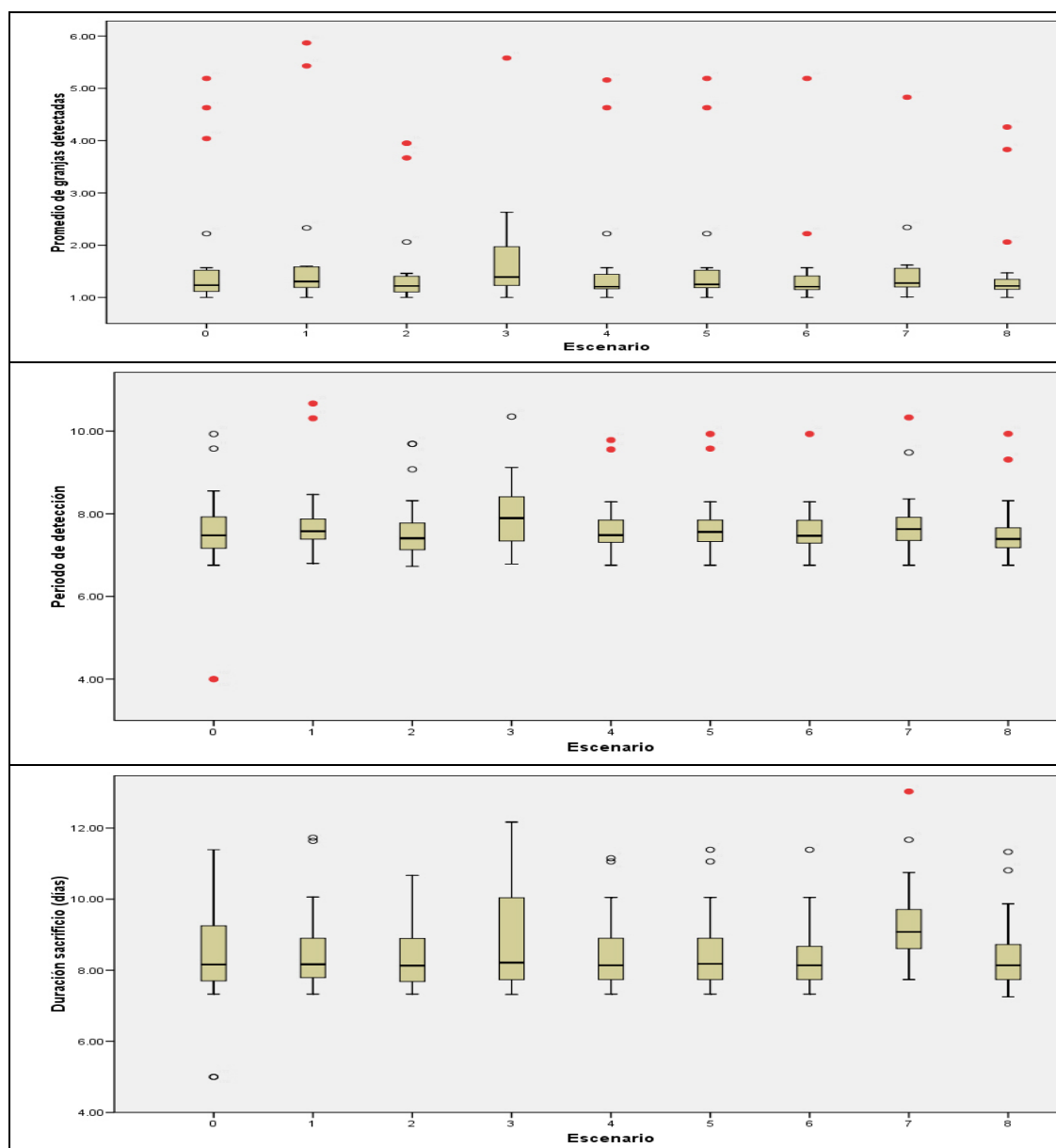
NÚMERO DE EXPLOTACIONES				
Provincia	Bajo (Valor: 0,28) <10.000 cabezas	Medio (Valor: 0,62) 10.000-30.000 cab.	Alto (Valor: 0,75) 30.000-50.000 cab.	Muy Alto (Valor: 1) >50.000 cab.
Ávila	28	20	10	8
Burgos	13	9	7	36
León	23	46	17	18
Palencia	8	1	2	4
Salamanca	29	9	5	1
Segovia	29	59	25	27
Soria	3	5	1	3
Valladolid	22	38	18	49
Zamora	67	21	4	4
Total explot.	222	208	89	150

Tabla 54. Numero de explotaciones por provincia en cada uno de los niveles establecidos de censo.



Anexo V: Gráficas comparativas de los escenarios elaborados en el análisis de sensibilidad del Modelo II





## Anexo VI: Lenguaje de R utilizado

```

library(epicentre)
library(interspread)
setwd("C:\\temp1\\output @")

#infected output in txt

inf <- read.table("Infected.txt", header = FALSE, sep = " ")
names(inf) <- c("itno", "day", "id", "x", "y", "type", "spread", "spreadname", "num_animals")
name <- @
mean(inf[,c(2)])
median(inf[,c(2)])
mean(inf[,c(9)])
duration <- as.matrix(by(inf$day, inf$itno, max))
round(epi.descriptives(duration), digits = 2)
tmp <- hist(inf[,1], breaks = c(0:100), plot = FALSE)
round(epi.descriptives(tmp$counts), digits = 2)
quantile(tmp$counts, prob=c(0.025))
quantile(tmp$counts, prob=c(0.975))
median(tmp$counts)
write.table((name <- @), file="res_infect.txt", sep=" ", col.names=TRUE, row.names=FALSE)
sc <- read.table("res_infect.txt", header=TRUE, sep=" ")
sc <- cbind(sc, round(epi.descriptives(tmp$counts), digits = 2), median(tmp$counts),
(quantile(tmp$counts, prob=c(0.025))), (quantile(tmp$counts, prob=c(0.975))), mean(inf[,c(2)]),
median(inf[,c(2)]),
mean(inf[,c(9)]), round(epi.descriptives(duration), digits = 2))
write.table(sc, file="infect_@.txt", sep=" ", col.names=TRUE, row.names=FALSE)

#detected output in txt

detec <- read.table("Detected.txt", header = FALSE, sep = " ")
names(detec) <- c("itno", "day", "id", "x", "y", "type", "source", "surveillance", "animals")
name <- @
mean(detec[,c(2)])
mean(detec[,c(9)])
median(detec[,c(2)])
duration <- as.matrix(by(detec$day, detec$itno, max))
round(epi.descriptives(duration), digits = 2)
tmp <- hist(detec[,1], breaks = c(0:100), plot = FALSE)
round(epi.descriptives(tmp$counts), digits = 2)
quantile(tmp$counts, prob=c(0.025))
quantile(tmp$counts, prob=c(0.975))
median(tmp$counts)
write.table((name <- @), file="res_detec.txt", sep=" ", col.names=TRUE, row.names=FALSE)
sc <- read.table("res_detec.txt", header=TRUE, sep=" ")
sc <- cbind(sc, round(epi.descriptives(tmp$counts), digits = 2), median(tmp$counts),
(quantile(tmp$counts, prob=c(0.025))), (quantile(tmp$counts, prob=c(0.975))), mean(detec[,c(2)]),
median(detec[,c(2)]),
mean(detec[,c(9)]), round(epi.descriptives(duration), digits = 2))
write.table(sc, file="detected_@.txt", sep=" ", col.names=TRUE, row.names=FALSE)

#depopulated output in txt

dep <- read.table("Depopulated.txt", header = FALSE, sep = " ")

```

```

names(dep) <- c("itno", "day", "id", "x", "y", "type", "source", "resource", "animals")
name <- @
mean(dep[,c(2)])
mean(dep[,c(9)])
median(dep[,c(2)])
duration <- as.matrix(by(detec$day, dep$itno, max))
round(epi.descriptives(duration), digits = 2)
tmp <- hist(dep[,1], breaks = c(0:100), plot = FALSE)
round(epi.descriptives(tmp$counts), digits = 2)
quantile(tmp$counts, prob=c(0.025))
quantile(tmp$counts, prob=c(0.975))
median(tmp$counts)
write.table((name <- @), file="res_dep.txt", sep=" ", col.names=TRUE, row.names=FALSE)
sc <- read.table("res_dep.txt", header=TRUE, sep=" ")
sc <- cbind(sc, round(epi.descriptives(tmp$counts), digits = 2), median(tmp$counts),
(quantile(tmp$counts, prob=c(0.025))), (quantile(tmp$counts, prob=c(0.975))),
mean(dep[,c(2)]), median(dep[,c(2)]),
mean(dep[,c(9)]), round(epi.descriptives(duration), digits = 2))
write.table(sc, file="depopulated_@.txt", sep=" ", col.names=TRUE, row.names=FALSE)

# Set boundaries of study area:
xlim = c(176439, 591130)
ylim = c(4446290, 4756460)

# epidemic predicted by InterSpread Plus:lwd: grosor de linea.legend (0,88 coordenadas de la leyenda)

pred <- is.epicurve(inf, daylim = c(0, 36), xlim, ylim, n.iterations = 100, quant = c(0.25, 0.75), stats = TRUE)
plot(c(0, 36), c(0, 100), type = 'n', xlab = 'Dias', ylab = 'Numero acumulativo de granjas infectadas')
lines(pred[,1], pred[,6], type = 's', lwd = 2, col = 'red')
lines(pred[,1], pred[,4], type = 's', lwd = 1, col = 'black')
lines(pred[,1], pred[,5], type = 's', lwd = 1, col = 'black')

legend(0, 88, legend = c('Granjas infectadas (media de 100 iteraciones)',
'cuartil 25 y 75'),
col = c('red', 'black'), lwd = c(2, 1), cex = 0.75, bty = 'n')

savePlot("Gráfico_1", type="jpg")

#Plot of locations predicted to be infected

plot(inf$x[inf$itno == i], inf$y[inf$itno == i], type = 'p', xlim = xlim, ylim = ylim, xlab = 'Oeste(km)', ylab =
'Norte (km)', pch = 16, col = 'blue', main = 'Simulated')

savePlot("Gráfico_2", type="jpg")

```

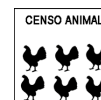
## Anexo VII: Resultados de los factores de riesgo densidad y censo del Modelo III



### Densidad de explotaciones

	Estadística de densidad por explotación				Estadística de densidad en toda la superficie de la provincia (celdas)			
	Mínimo	Máximo	Media	Desviación Estándar	Suma	Máximo	Media	Desviación Estándar
Ávila	0,01	1,36	0,62	0,36	1.420,04	1,46	0,18	0,24
Burgos	0,01	0,47	0,20	0,13	304,72	0,47	0,02	0,05
León	0,01	0,60	0,21	0,15	605,23	0,61	0,04	0,07
Palencia	0,01	0,25	0,09	0,07	161,52	0,25	0,02	0,03
Salamanca	0,00	0,39	0,16	0,10	584,20	0,40	0,05	0,06
Segovia	0,01	1,60	0,71	0,61	477,58	1,60	0,07	0,18
Soria	0,01	0,50	0,24	0,19	122,56	0,50	0,01	0,04
Valladolid	0,01	0,13	0,06	0,04	95,20	0,21	0,01	0,02
Zamora	0,01	0,53	0,25	0,15	584,94	0,53	0,06	0,09

Tabla 55. Densidad de explotaciones por provincia y por explotación de ACGA. Elaboración propia partir de datos REGA 2008.

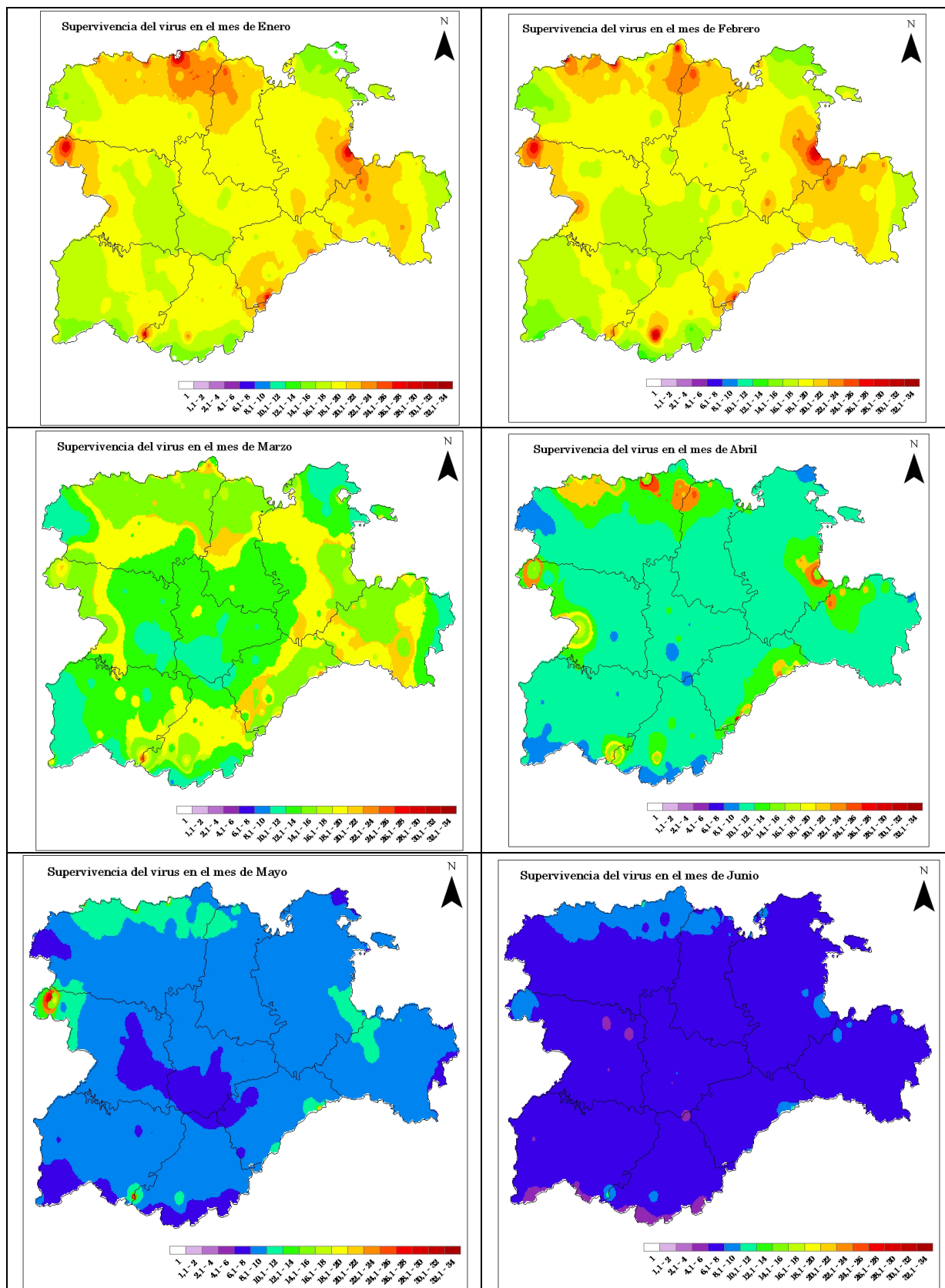


### Censo de explotaciones

	Estadística por explotación				Censo por provincia	
	Mínimo	Máximo	Media	Desviación Estándar	Suma censo	Densidad Kernel
Ávila	1,00	309,00	12,40	9,82	18.637,00	2,32
Burgos	1,00	202.876,00	940,59	11.452,50	314.157,00	22,00
León	1,00	20.000,00	133,16	1.175,44	80.561,00	5,17
Palencia	2,00	110.104,00	913,02	8.540,24	154.301,00	19,17
Salamanca	1,00	30.000,00	134,11	1.542,55	80.465,00	6,51
Segovia	2,00	24.000,00	185,25	1.594,76	88.550,00	12,80
Soria	2,00	332.000,00	2.865,31	28.918,18	378.221,00	36,72
Valladolid	1,00	45.000,00	1.752,57	6.524,55	138.453,00	17,07
Zamora	2,00	20.000,00	120,59	1.130,82	71.149,00	6,73

Tabla 56. Valores de censo y densidad de censo de gallinas industriales por provincial. Elaboración propia a partir de datos REGA 2008.

## Anexo VIII: Resultados del Modelo III del fator de riesgo “supervivencia del virus”



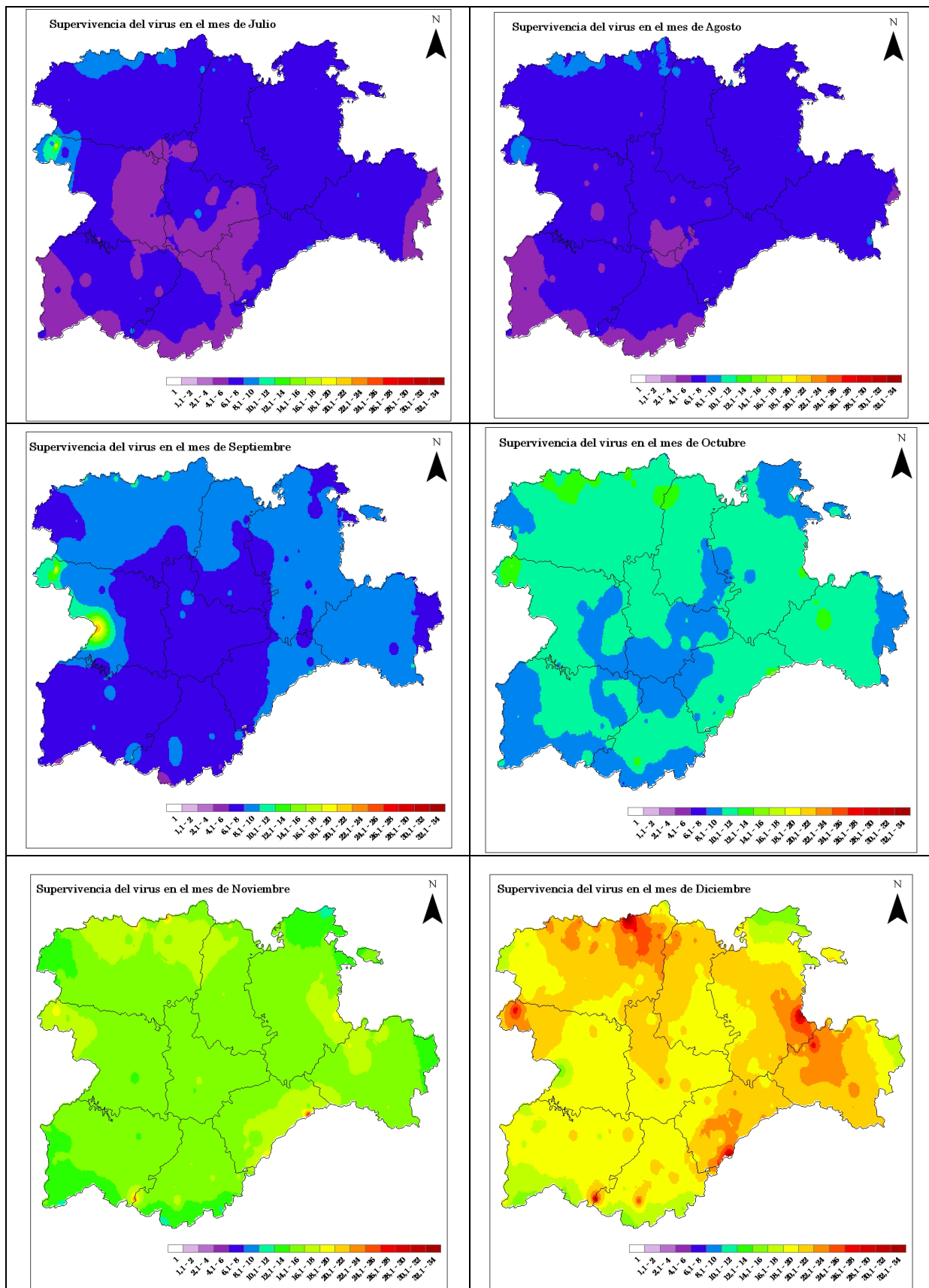
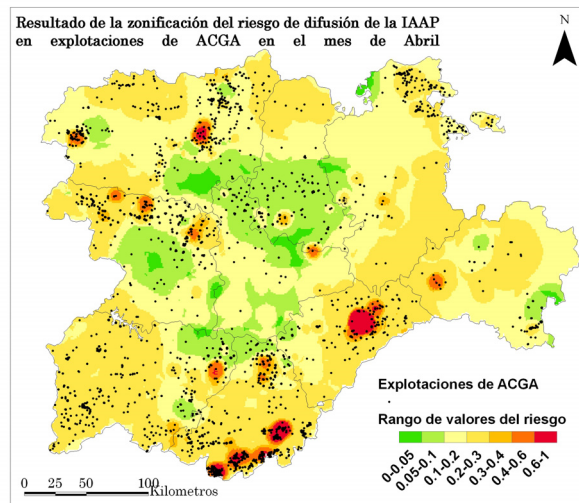
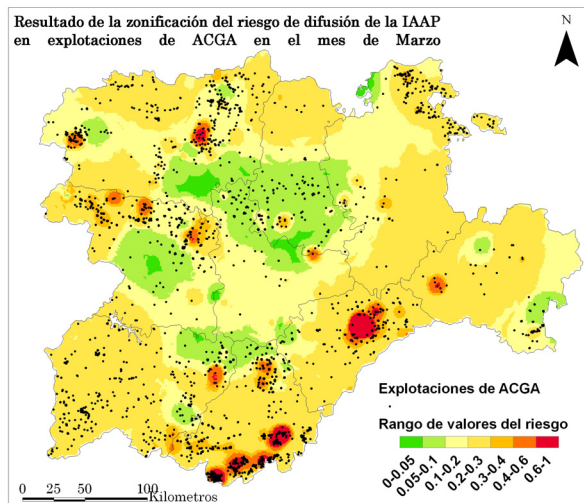
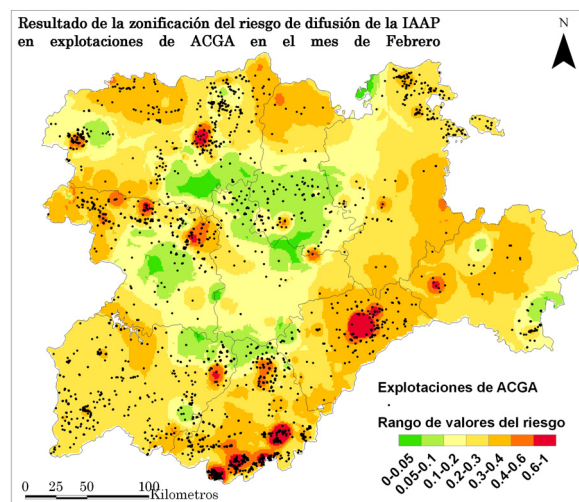
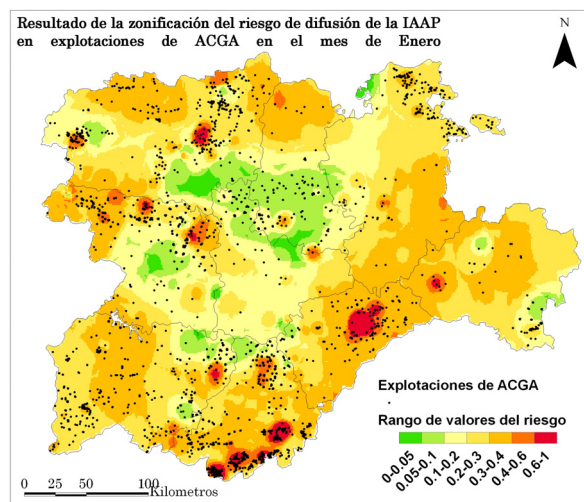
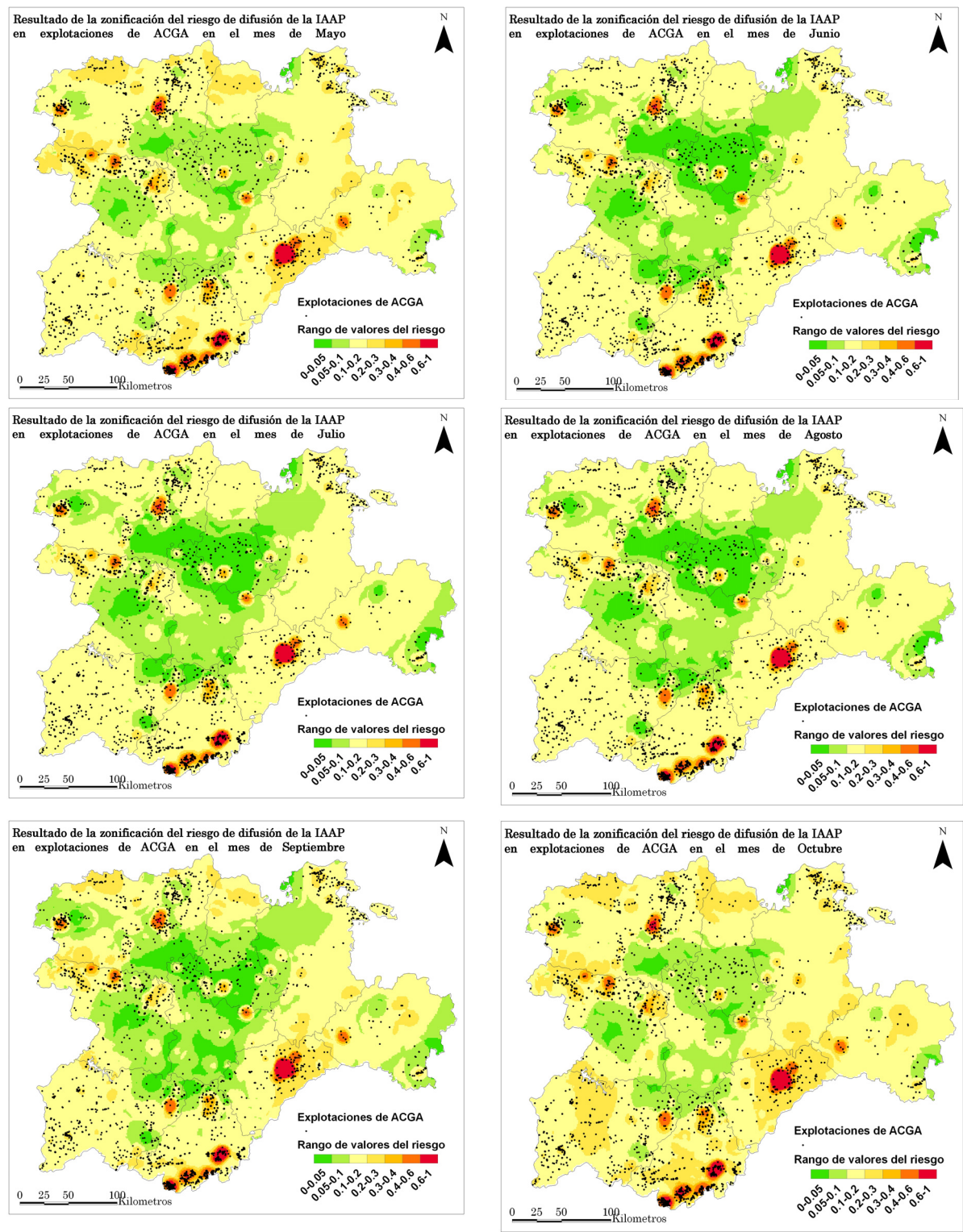


Figura 108. Resultados del análisis de supervivencia (en días) del virus de manera mensual en función de las temperaturas medias mensuales. Elaboración propia aplicando IDW mediante el programa Arc Gis 9.3.

**Anexo IX: Resultados finales del Modelo III****Resultados del riesgo de difusión de la IAAP en ACGA por zonas**





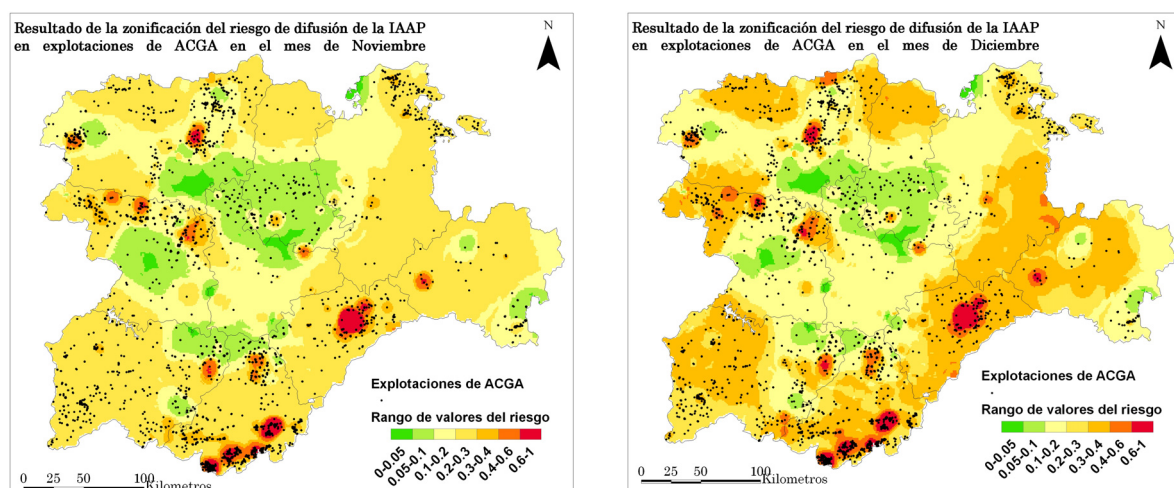


Figura 109. Mapas de zonificación del riesgo de difusión de IAAP entre explotaciones de ACGA en CyL. Elaboración propia mediante el programa Arc Gis 9.3.

## Resultados del Modelo III por provincia y mes

Mes	Ávila	Burgos	León	Palencia	Salamanca	Segovia	Soria	Valladolid	Zamora
Enero	(0,06-0,88) (0,19; 0,22)	(0,06-0,41) (0,03; 0,04)	(0,06-0,71) (0,25; 0,12)	(0,06-0,39) (0,14; 0,08)	(0,06-0,59) (0,15; 0,09)	(0,06-0,97) (0,69; 0,29)	(0,06-0,67) (0,24; 0,12)	(0,06-0,49) (0,12; 0,08)	(0,06-0,64) (0,27; 0,14)
Febrero	(0,06-0,85) (0,51; 0,21)	(0,06-0,41) (0,29; ,04)	(0,06-0,70) (0,28; 0,12)	(0,06-0,39) (0,13; 0,08)	(0,06-0,59) (0,25; 0,08)	(0,06-0,94) (0,67; 0,28)	(0,06-0,64) (0,23; 0,11)	(0,06-0,49) (0,11; 0,08)	(0,06-0,64) (0,32; 0,14)
Marzo	(0,05-0,80) (0,47; 0,21)	(0,05-0,35) (0,25; ,04)	(0,05-0,67) (0,25; 0,12)	(0,05-0,38) (0,12; 0,07)	(0,05-0,58) (0,21; 0,07)	(0,05-0,89) (0,62; 0,28)	(0,05-0,60) (0,20; 0,10)	(0,05-0,48) (0,10; 0,07)	(0,05-0,59) (0,27; 0,12)
Abril	(0,05-0,77) (0,45; 0,77)	(0,05-0,35) (0,23; ,35)	(0,05-0,66) (0,24; 0,66)	(0,05-0,38) (0,11; 0,38)	(0,05-0,57) (0,20; 0,57)	(0,05-0,86) (0,59; 0,86)	(0,05-0,57) (0,20; 0,57)	(0,05-0,48) (0,09; 0,48)	(0,05-0,59) (0,25; 0,59)
Mayo	(0,05-0,75) (0,42; 0,21)	(0,05-0,31) (0,21; ,04)	(0,05-0,65) (0,22; 0,12)	(0,05-0,38) (0,11; 0,07)	(0,05-0,56) (0,17; 0,06)	(0,05-0,84) (0,56; 0,28)	(0,05-0,53) (0,18; 0,09)	(0,05-0,48) (0,08; 0,07)	(0,05-0,55) (0,23; 0,11)
Junio	(0,04-0,72) (0,40; 0,21)	(0,04-0,29) (0,18; ,04)	(0,04-0,62) (0,20; 0,12)	(0,04-0,37) (0,10; 0,07)	(0,04-0,55) (0,15; 0,05)	(0,04-0,78) (0,52; 0,27)	(0,04-0,50) (0,16; 0,09)	(0,04-0,47) (0,08; 0,07)	(0,04-0,54) (0,21; 0,11)
Julio	(0,04-0,72) (0,3; 0,20)	(0,04-0,29) (0,18; ,04)	(0,04-0,62) (0,20; 0,12)	(0,04-0,37) (0,10; 0,07)	(0,04-0,55) (0,14; 0,05)	(0,04-0,78) (0,52; 0,28)	(0,04-0,50) (0,16; 0,09)	(0,04-0,47) (0,07; 0,07)	(0,04-0,54) (0,20; 0,11)
Agosto	(0,04-0,72) (0,39; 0,20)	(0,04-0,29) (0,18; ,04)	(0,04-0,625) (0,20; 0,12)	(0,04-0,37) (0,10; 0,07)	(0,04-0,55) (0,14; 0,05)	(0,04-0,789) (0,52; 0,27)	(0,04-0,50) (0,17; 0,09)	(0,04-0,47) (0,08; 0,07)	(0,04-0,54) (0,21; 0,11)
Septiembre	(0,04-0,75) (0,40; 0,21)	(0,04-0,29) (0,19; ,04)	(0,04-0,61) (0,19; 0,12)	(0,04-0,37) (0,10; 0,07)	(0,04-0,55) (0,16; 0,06)	(0,040,855) (0,57; 0,29)	(0,04-0,53) (0,17; 0,09)	(0,04-0,49) (0,07; 0,07)	(0,04-0,53) (0,21; 0,11)
Octubre	(0,05-0,77) (0,43; 0,21)	(0,05-0,33) (0,21; ,04)	(0,05-0,65) (0,22; 0,12)	(0,05-0,38) (0,11; 0,07)	(0,05-0,572) (0,18; 0,06)	(0,05-0,84) (0,57; 0,28)	(0,05-0,55) (0,19; 0,09)	(0,05-0,48) (0,09; 0,07)	(0,05-0,57) (0,24; 0,12)
Noviembre	(0,06-0,82) (0,48; 0,21)	(0,06-0,37) (0,26; ,04)	(0,05-0,67) (0,26; 0,12)	(0,06-0,391) (0,12; 0,08)	(0,06-0,58) (0,27; 0,07)	(0,06-0,92) (0,63; 0,28)	(0,06-0,60) (0,21; 0,10)	(0,06-0,49) (0,10; ,081)	(0,06-0,60) (0,29; 0,13)
Diciembre	(0,06-0,88) (0,52; 0,22)	(0,06-0,41) (0,30; ,04)	(0,06-0,71) (0,30; 0,12)	(0,06-0,39) (0,13; 0,08)	(0,06-0,59) (0,26; 0,09)	(0,06-1) (0,70; 0,29)	(0,076-0,67) (0,24; 0,12)	(0,06-0,49) (0,12; 0,08)	(0,06-0,64) (0,32; 0,14)

Tabla 57. Valores de riesgo de difusión de la IAAP por provincia y mes, se muestran los valores: (mínimo-máximo) y (media; desviación estandar) respectivamente y en ese orden. Elaboración propia.